

	aGATTTACCT GTTGTGCGAC ATAACGCGGC ATTTGATATG AACGTCTTAC ATCAAAGCAT	900
	TCAAAATATT GGTTTACCAA CTCCAAATTT AACTTACTTT TGTAGTTATC AACTTGCTAA	960
5	AAGAACCGTT GATTCGTATC GATACGGTTT AAAACATATG ATGGAGTTT ATCAATTAGA	1020
	TTTTCATGGT CATCATGATG CATTGAATGA TGCCAAAGCA TCGCAATGA TTACTTTTAG	1080
	GCTACTGAAA AATTATGAAA ATTTAACATA TGTAACATAAT ATTTATGGTA AAAATCTAAA	1140
10	AGATAAAGGC TAGGACTAAA TAAATACTC CCTTCAAAAG TAAGCATTGT AAAAATGTAA	1200
	ACTTTCAGG GAGCTTTATT TTATATAAAG TCATATATCG TCATATTTT ATAAGTTGAT	1260
15	TGTTCTAAAT TACCTACAGT GACACCAATA AGTCGAATTG GTACATCAGG GTCTTTTAAA	1320
	TCGTTATAAA GTAAATATGC AATATTATAA ATATCTTCTT CAGAACTAAC CGAATCTCTT	1380
	AAACTCATCT GTTTAGATAG CGTTTCAAAT TGATAAGTTT TAATTTTAAAC CGTTACAGTT	1440
20	TTAGCTGACT TCTGTAATTT ATTTAGACGT TCAGCTGTTT TACCTGnACA ATTCCCATAC	1500
	TTTTCTTAAA ATCTCTTCAT CATCATTCAC GTCTGTGCA AATGTGCGTT CAGTCCCTAC	1560
	TGATTTTCTT ACTCTTGATG ATTTCACTTC ACTATGGTCA ATACCGCGTG CCTTGTATA	1620
25	TAAACCCCGA CCTCTTTTTC CAAACAAACG TATTAATTCA AATCCGTTT TCTCATATAA	1680
	ATCTCTACCG TTAATAATAC CATTATCATG CATTACTTTT TTGGAAGCTT TACCTACGCC	1740
	TGGaAAATCT CCAATATCCA ATGTCATCAA AATATCATGG aCATTTTGAT AATCAATCAC	1800
30	AGTCATACCA TCAGGTTTAT TCATACCACT CGCTAATTTA GCTAAAAATT TGTTATAAGA	1860
	AACACCTGCA GATGCTGTTA AATGTGTCTG CTCTAGAATA TCTTTTCTAA TATACTGAGC	1920
	AATTTTCGAA GCAGGAAGGT CTGGTCTCAC TAATTCTGTA ATATCTAAAT ACGCTTCATC	1980
35	CAATGACATC GGTTCTACCT TATCTGTATA ACTTCGGAAA ATAGACATAA TCTGCGCAGA	2040
	TGTTTCTCGG TAAGCACCAA AATTACTTGT GACAAAGTAT CCATTGGAC ATAATTTATG	2100
40	CGCTTGAGAC ATAGGCATTG CTGAATGGAC GCCGTATTTT CGTGCTTCAT AGGATGCCGT	2160
	AGAGACAACA CCCCTACTGC TTGCTTTACC ACCAACAATG ACTGGTTTCC CTTTCAATTT	2220
	GGGGTTATCT CTCATTTCGA CTTGTGCAAA AAAATAGTCC ATATCTATAT GAATAATTCTG	2280
45	TCTCTCAGTC AAGTGCTCAC CTCCCTACTA ATTTTACTT TTATAACGCA CAAAAATATC	2340
	TCAACATAAT TATACGCTGT GTACGATTTT TTTACATAAA TCTTGCACTT AGCGATAACT	2400
	ATATTGaGAT AACTACAAGT TGTTATaAAA TCAATTGCTA TTTAAGCATG ATGATGAAGA	2460
50	CGATTGAGTA AGAAAACATA GGTAATCTGA AATAATTCAA GCAAATTCAT TTTGTTGGTA	2520
	TCATCATATT AAAATTTATT ATGAGTCGG CTTTGTGATGA TACAAATAAA TACTATCTTC	2580

	AAAGCAATAA GCGGTATGCA TACTAAACAT AAAAATAAGT GATGAATAAC CAAATACCTT	2700
	AATTAAAATA AGCAAGCCAG TACTTAATAG GATTAGTGGT GACAGCATAA TAATTGAGAA	2760
5	TTGCCATTTG TTGAAGCAAG CATCTGCTGT TTGGAATAAG ATTCTGTCTT TTTTATATT	2820
	AAACATAGGT TTGCTATCTT TTTTAAATAA AAGAAATAAT GCTCTATGGA TAAGTTCATG	2880
	TAAAATCAAT AAAATAATGA ATCCAGCAAA CCCATATACA AGATTGATGA TGATATTTTG	2940
10	ATCGACAACC GCTGTGACAC CTAACGCCCA CTTATACGTA AATAAAATCA CGAATAACGC	3000
	AATAACAAGT TGCAAGATAA TAAACCTTCG CATTTGAAAA TTATTTGTCG TTAAATCAAT	3060
15	TTTATGCATT ACCAACCCTC CCGATCATGA CATTCTTATT CTTCTTTAAA TATAGTATAC	3120
	AATGTCACAT TTAATTTAAA AAGTTCATAT CAAGAAAGTA AATTGGCTGT AATAAAATTT	3180
	TAATATACGA CTCTTTCTT CACTTATTAA GCGGAAATTT TATCTCAAAT CATGTGCGCT	3240
20	ATTTCAAATT GAATAATGCC ACTGTCTCAA CATGTGTTGT TTGTGGAAAC ATATCTACCG	3300
	GTGTTACCTC TTCAAGTTGA TATTTTTTCAG CTAATAATAA TGCATCACGT TGCTGTGTTG	3360
	CGGGATTACA TGAAATATAG ACAATACGCT TAGGTTCTAA TGTAAGCAAA GTCTGAATAA	3420
25	ACGTTTCGTC ACAGCCCTTT CTGGCGGAT CAACCATTAC AACATCTGGT TTAATCCCTT	3480
	GTGCTTTCCA TTGTAAATA ACTTCTTCAG CTTTCCACA GACAAAAGTT GTATTATGTC	3540
	ATTGGTTTAT AGTCGCATTT TGTGTGCGT CTTCAATTGC AGAAGGTACT ACTTCAACAC	3600
30	CGTATACATG TTTTGCAAGT GGTGCCATAT ATAGCCCTAT TGTTCCAATA CCACAATAGG	3660
	TATCTAATAC AACTTCATTA CCTGTCAATT GCGCATACTC AATTGCTTTA TTATATAATT	3720
	TCTCTGTTTG TTCAGAATTA ATTTGGTAGA ATGACTGATC ACTTATTTTA AATGTACTAT	3780
35	CTGTTAATTG ATCAATAATT GTATCTTTAC CATATAGCGT TATAGATTGA CGTCCCATAA	3840
	TAACATTAGA GTGGCTATCA TTAATGTTTT GTTTAATGCT TGTCACATTA GGAAATGCAT	3900
40	CTAATATCTT CTCAACAACA GCATTTTTTT GTGGCCACTT TTTACCATTA GTTACAAAAA	3960
	TAATCATCAT TTCGTCTGTA TGATATCCTG TTCTTACAAC CAAATGTCTC ATTAACCTT	4020
	TTTTCAATTG TTCTTGATAA ATACTTACAT TTAAATCTTT TAAAATAGAT TTAACCTCAT	4080
45	TCATCACTTC TTGATGTTGT GAATCTTGTA TTAAACAAC TTCCATGTCA ATAATGTCA	4140
	GGCTTCTTTG ACGATAAAAG CCCATAATAA CTTCAATTCTG TTCATTCTTA CCAACTGGAA	4200
	TCTGGGACTT GTTTCGATAT CTCCAAGGAT CTGTCATGCC AACTGTATCG TTAATCTTAG	4260
50	AATTATCAAA ATGCGCTTTT CGCTGAAACA AATTAATCAC TGTTCCCTTT TTCATTTCAA	4320
	GTGTGCTTC GTATGATAAG TGTGAAGTT GGCACCCACC ACAACGTTCA TAATATATAC	4380

55

	AGTTCTTTTT TACTTTGATA ATTTTATATT CAATTTGTTC ATTAATTAAA GCTTGTGGTA	4500
	TGAAAATAGG AAAGCGATCT ATTTTACGA CACCATGGCC TTCATGCGTT AAATCAACAA	4560
5	CTGTTCCCGT TTTTATGTCA TTTTLAGCTA TTGCTTGCAA AATTTTACCT CCAAAATGAA	4620
	CAGGTTAGGA ACAAATATAT GCGCTTCCTA ACCTGCCATT ATATATTICA CTATTTCTGT	4680
	TTATTCITCG ATTAAATTGT CATCAACATG ATCATTATTT ATTAACCTCTT CATTTACAAT	4740
10	ATCATTAGGT GCAAAGACAT CTATATGACG TTCTAGATTT AAGAAATTCG CTGGTAATTT	4800
	ACCACCATAT TCTCCATCTA CATTTAGTTG TAAGTCTGTG AATGATGAAA TATTAATTGC	4860
	CTTTGCTTTT TCATAAATAA CTTTAGGATG CTTAGTATGT TCTCCTCTTG AAGCTAAAGT	4920
15	CATAATATGA CCAAGTCTG CAAGGTTTGA TTTTCAACT ATAATTAACG TAAAATAGCC	4980
	GTCATCTAAC TTAGCGTCCG GCACTAATTT TTCAAATCCT GCCATTGAAT TTGTAAACC	5040
	TAAAAAGAAT AATAATGCTT CTCCTTGGAA AACATTACCA TCATATTCAA TTCTTAAATC	5100
20	TACAGCTTTC ATTTGAGGTA ACATTTGAA ACCTTTGATG TAATAAGCAA ATGGACCAAC	5160
	AATAGATTTC AATTTACTCG GTGTTTCATA AGAGACTTGC GTCAATTGTC CGCCTGCAGC	5220
25	TAAATTAATA AAGTATCGAT TATTCATTTT ACCAATATCT ACTTTAGTAG AATGACCTTC	5280
	AATGATGACA TCAAGTGCCC CCATGATGTC ATTAGGTATA TGCAATGCAC GTCCAAAGTC	5340
	ATTAACAGTA CCCATAGGAA TGACACCTAG CTTAGGACGA TTAGGCTTTT CTGCGATACC	5400
30	ATTAACACTT TCATTTAATG TTCCATCACC ACCTGCAGCG ATTAATACAT CATAATTTTC	5460
	ATGCATAGCT CTTTCTGCTT CAAGTGTGGC ATCACCTATT TTCTCGTTG CATATGCACT	5520
	CGTTTCATAT CCCGCTTTT CTAATTTTAT TAAGGCATCA GGTAATTCTC TTTTAAATAG	5580
35	CTCTTTACCT GATGTGGGT TATAAATGAT TCTAGCACGT TTCCTCATAT CTTATCCCTC	5640
	TACTTAAAT TCATATATTT TAACTTCATC TTTGTTTCGT CTAATAGGGA GTGGACAGA	5700
	AATAATATTT AACAAAATTT ATTTCGTTCT ACCCCAATT GCATTGTCTG TAGAATTTCC	5760
40	TTTCGAAATT CTCTATGTTG GGGCCCCACC CCAACTTGCA CATTATTGTA AGCTGACAGA	5820
	AAGTCAGCTT CTTTGTGTTG GGGCCCCGCC AACTTGACA TTATTGTAAG CTGACAGAAA	5880
45	ATCAGCTTCT ATGTTGGGGC CCCACTAGAA TTGAAAAAG CTTGTTACAA GCGTATTTTC	5940
	TTTCAGTCAA CTACAGCCAA TATAACATTG TAGTGCCTAG GACATTGAAT TTATGACCCA	6000
	GGCTCAGTCT TATTTTCATCA TTCTTAATAT CGTTAAAGAC CAACTTGTAT CTAAACAAA	6060
50	TACTATCTCA ATATGTACAA AGCTGTTAT TTATTCAGCA TTTTGTCCG TTCTTCATTA	6120
	TATAGCTTCG TCAGTTATGC TATTTTACCT TTAAATGAT GTTGTAATA TAATGTTGTC	6180

55

	AACGCATTAA TAAAATTAAT ATTTTACCA TTAACATGTA CAATGAATAA AGTTAAAAGT	6300
	AATTTGACTT CTATAGATAT AAATAAACCC TCGATTGCAT CTAAGTCAGC AATCAAGGGT	6360
5	TTATTTTTTA AATCTTCATA GTTTGATGAT TTAAATTATC TTTTATCTAA TTCTTGTTTT	6420
	AATAGTTGAT TTAATAATTG TGGATTAGCT TGACCTTTAG ACGCTTTCAT AATTGACCA	6480
	ACTAAGAAGC CCATAGCTTT GCCTTTACCA TTTTGTAAAT CTTCAACTGA TTGTTGTTA	6540
10	TTGTCTAATG CTTCAATTTAC AAATTTTAGA AGTGTGCTT CATCAGAAAT TTGAACTAAG	6600
	CCATTATCTT CCATAATCTG TTTAGCATT A CCACCTTTAG CTGCTAACTC TGGGAAGACT	6660
15	TTCTTCGCAA TTTTACTGCT CATTGTTCCG TCTTCGATAA GTTTAATCAT ACCTGCTAAA	6720
	TTTTCTGGTG TTAATTTAGT ATCTAATAAT TCTACTTGAT TTTTATTTAA ATATTGTTTT	6780
	ACGCCACCCA TTAACCAGTT AGATGTTAAT TTAACATCTG CACCGTGTTT AATTGTTGAT	6840
20	TCAAAGAAAT CTGACATTTT TTTAGTCAAT GTTAATACGT GTGCATCGTA TGCAGGTAAA	6900
	CCTAATTCAT TTACATACTT AGCTTTTACGT TCATCTGGTA ATTCAGGAAT TGTCTGACGA	6960
	ACACGCTCTT TCCAAGCATC ATCAATATAT AAAGGTACAA TGTCAGGCTC TGGGAAGTAA	7020
25	CGGTAATCAT CAGAACCTTC TTTAACACGC ATTAAAATG TTTTACCTGT AGATTCATCA	7080
	AATCGACGTG TTTCTTGTCG GATTTCTCCA CCATTTAACA ATTCTTCTTC TTGGCGTTTT	7140
	TCTTCATATT CTAAACCTTT ACGTACATAG TTAAATGAGT TTAAGTTTTT CAATTCGGCT	7200
30	TTAGTACCAA ATTTTCTTG ACCATATGGA CGTAAAGAGA TGTTAGCATC ACAACGTAAA	7260
	GATCCCTCTT CCATCTTAAC GTCTGATACA CCAGTGTATT GAATAATTGA ACGCAATTTT	7320
	TCTAAATATG CATATGCTTC TTTAGGTGAA CGAATATCTG GTTCAGATAC GATTTCAATT	7380
35	AGCGGTGTAC CTTGACGGTT CAAGTCAACT AATGAATACT CACCTTTATG TGTTGACTTA	7440
	CCAGCATCTT CTTCCATGTG AAGACGAGTA ATACCGATTC GTTTTGTTC ACCGTCGACT	7500
40	TCGATATCGA TATATCCATT TTCACCAATT GGTGATCAA ATTGAGAAAT TTGATATGCT	7560
	TTTGATTAT CTGGATAGAA ATAGTTCTTA CGGTCAAAC TAGATTCTGT TGCATTTC	7620
	ATATTTAGTG CCATTGCAGC ACGCATTGCC CAGTCTACTG CACGCTTATT AACAACTGGT	7680
45	AAGACACCTG GATATGCTAA GTCGATAACA TTTGTATTG AGTTAGGTTT TGCTCCAAAA	7740
	TGCGCTGGTG ATGGAGAAAA CATTTTTGAG TCCGTTTTTA ACTCTACGTG AACTTCAAGT	7800
	CCTATAACTG TTTCAAAATG CATGATTTCC ACTCCTTATA ATTTTTCATA AACGTCATGT	7860
50	AAATGTATT GTGTTTCATA TTGATAAGCG ACACGATATA ACGTTTTTTC ATCGAATGGT	7920
	TTACCAATGA ACTGTAAACC GATTGGTCGG CCATTTGATT GTCCACAAGG AACAGAAATA	7980
55		

	GGATCATCAA TTTCTTCACC TAAATTAAAC GcAGTgThAG GCGCTGTTGG ACCAACTACT	8100
	ACATCATAAT TTTGGAATAC TTTATCAAAG TCATTTTAA TCAATGTTCT AACTTTTTGA	8160
5	GATTTTTTAT AGTAAGCATC ATAGTAACCT GAACTTAATG CAAATGTACC TAAGAAAATA	8220
	CGACGTTTTA CTTCTTTACC GAAACCTTCA GATCTTGACA TTTTATATAA TTCTTCTAAT	8280
	GAATGAGCTT CTTTAGAATG ATAACCATAA CGAATTCCGT CAAAACGAGA AAGGTTTGAC	8340
10	GAAGCTTCTG ATGATGCAAT CACGTAATAT GATGGAATAC CAAATTTAGT ATTTGGCAAT	8400
	GATACTTCCT CAACGACAGC ACCTAAAGAT TTTAAAGTTT CTACAGCGTT TTGAACTGCT	8460
15	TCTTTTACGT CATCAGCTAC ACCTTCACCT AAGTATTCTT TAGGTAATGC AACTTTTAAT	8520
	CCTTTAATAT CTTTACCAAT TTCAGATGTA AAGTCTACAT CATCAACTGG TGCACCTGTA	8580
	GAGTCATTAA CATCTGCACC AGAAATAGCT TCTAATACGA TTGCATTATC TTTTACATTT	8640
20	CGAGTCAATG GACCAATTTG GTCTAATGAA GATGCAAAAG CAACTAATCC AAATCGAGAT	8700
	ACACGACCGT ATGTTGGTTT CATACCGACA ACGCCACAAT ATGCAGCCGG TTGTCTAATT	8760
	GAACCACCTG TGTCTGAACC TAAGCTAAAT GGTACTAAGC CAGCTGCAAC TGCTGCTGCA	8820
25	GATCCACCTG ATGAACCACC TGGCACTGCT TTATGGTCAA ATGGGTAAAC TGTTTTTTTG	8880
	AAATAAGATG TTTCTGTTGA ACCACCCATT GCAAATCAT CCATATTTAA TTTACCGATT	8940
	AAAACGGCAT TTTCATTATG TAGTTTTTCC ATTACAGTAG ATTTCGTAAAT TGGCACAAAA	9000
30	CCTTCTAACA TTTTACTTGC ACATGTTGTT TCTAATCCGT TTGTAATAAT GTTATCTTTT	9060
	ATACCCATTG GAATACCAAA TAATTTGCCA TCCATTGAT CTTTGTCTTG TAATTCATCC	9120
	AATTCCTGCG CTTTTTTGAT TGCATTTTCT TTATCCAGCG CTAGAAAAGA CTTAATTGTT	9180
35	GGATCAGTCT CTTCAATTGC ATCATATATA TCTTTAACAA CATCAGATGG TTTGATTTTT	9240
	TTGTCTTTTA TTAAAGTTAA TAAATTCTCA ACCGATTCGT AGCGAATGCT CATCTTACGC	9300
40	GTCCTCCTCA TTCATGATTG TAGGCACCTT AAATTGTCCA TCTTCTGTTT CTTTGGCATT	9360
	TTTCAAAGCT AATTCTTGTG GAATACCTTT AATTGCTTTA TCTTCACGTA AAACGTTTTG	9420
	TAAATCTAAA ACGTGATATG TAGGTTCAAC GCCTTCTGTA TCAGCGCTAT CATTTTGT TT	9480
45	TGCAAAATCT AAAATGCTTT CTAATGTGTT GGCCATTCTT TCCGTTTCTT CAGGAGAAAT	9540
	TTGAAGTCTT GCAAGATTCTG CGATATGCTC AACTTCTTCA CGTGTTACTT TTGTCATTAA	9600
	TAAAAGCCTC CTTTAAGTCA TTCATCACTA AATTGTATCA AATTTCCAAT TAAAAATCTA	9660
50	AGTATTTATG AGGTGCTACT TTAATTTTCA ATAACTGTA TAAACATTAT CATTGTTTTA	9720
	TCAAATCATT TTTTATGAAA ACAACACTCT TTTAATATTA GACAACCCAA TTCAATATTA	9780

55

	TATATTGGTA TGCAAGTATT TCAAAAAGAA TAAATTTAAT TTTCTACTT TTCTAAACAT	9900
	TTATCTTTAT GTATAATGTT TTCAAGTAAC TAAATTATAA ATTAAATAAA GGGAGTGTTT	9960
5	ATCATGCTTA CAATGGGGAC AGCATTAAAGT CAACAAGTAG ATGCCAATTG GCAAACCTAT	10020
	ATTATGATTG CCGTCTACTT CTTGATACTA ATCGTTATTG GCTTTTACGG TTACAAGCAA	10080
	GCAACTGGTA ACCTAAGCGA GTACATGTTA GGTGGACGTA TATTGGACCG TATATTACTG	10140
10	CATTATCAGC TGGAGCTTCA GATATGAGTG GATGGATGAT TATGGGGCTA CCTGGTTCTG	10200
	TCTATAGCAC TGGTCTATCA GCTATGTGGA TTACAATCGG TTTAACATTA GGTGCTTATA	10260
	TAAATTACTT TGTGTGTTGCT CCTAGACTTC GTGTTTATAC CGAATTAGCT GGAGATGCAA	10320
15	TTACATTACC AGATTTCTTT AAAAATCGTT TAAACGATAA AAATAATGTG TTAAAGATTA	10380
	TTTCTGGATT GATTATCGTA GTATTCTTTA CATTATATAC ACATTCTGGT TTCGTATCTG	10440
20	GTGGTAAACT ATTTGAAAGT GCTTTTGGAT TAGATTATCA TTTCGGTTTA ATATTAGTTG	10500
	CTTTCATTGT CATTTTCTAT ACTTTCCTTG GTGGATATTT AGCTGTATCA ATTACAGATT	10560
	TCTTCCAAGG TGTCATTATG TTAATTGCGA TGGTTATGGT CCCTATTGTT GCTATGATGA	10620
25	ATTTAAACGG CTGGGGAACG TTTCATGATG TAGCAGCTAT GAAACCTACA AATTTAAATT	10680
	TATTTAAAGG GTTATCATTT ATAGGAATTA TCTCTCTATT TTCATGGGGA TTAGGTTATT	10740
	TCGGTCAACC TCATATCATT GTAAGGTTTA TGTCTATTAA ATCACACAAG ATGCTACCTA	10800
30	AAGCTAGACG TTTAGGTATT AGCTGGATGG CTGTTGGTTT ATTAGGCGCT GTGGCTGTTG	10860
	GTTTAACAGG TATTGCATTG GTACCTGCTT ATCATATTAA ACTAGAAGAT CCTGAGACAT	10920
	TATTCATCGT GATGAGTCAA GTACTCTTCC ATCCTCTTGT AGGTGGTTTC TTACTTGCTG	10980
35	CGATTCTAGC TGCAATTATG AGCACGATTT CTTCACAATT ACTTGTAACA TCTAGTTCAC	11040
	TAACGGAAGA CTTTTATAAA TTAATTCTGTG GTGAAGAAAA AGCTAAAACG CACCAAAAAG	11100
40	AATTTGTTAT GATTGGAAGA TTATCTGTAT TAGTTGTAGC AATTGTTGCC ATCGCGATTG	11160
	CATGGAATCC AAACGACACA ATTCTAAACT TAGTAGGTAA CGCTTGGGCC GGATTGGTG	11220
	CATCGTTCAG TCCACTTGTC CTATTTGCAC TTTACTGGAA AGGTTTGACA CGTGCCGGTG	11280
45	CTGTAAGTGG AATGGTTTCA GGTGCCTTAG TCGTTATCGT TTGGATTGCA TGGATTAAAC	11340
	CATTGGCACA TATCAACGAA ATATTCGGCT TATATGAAAT TATTCCTGGA TTTATTGTAA	11400
	GTGTAATCGT TACATATGTT GTAAGTAAAC TTAATAAAAA ACCTGGTGCA TTTGTTGAAA	11460
50	CTGACTTAAA CAAAGTTCGT GACATCGTTA GAGAAAAATA ATTCATAAGT CTTAACAAAT	11520
	TAAAAAGGTA CTAATGTTAA TCAAAATTAT GACTAACATT GGTACCTTTT TATTATCTTT	11580
55		

	AATTAAAGCA	CGTGGTTGGT	TACCATCTTT	AATACGAATT	TCATAGTTAT	CGATTTTATC	11700
	GAAATATTIA	TTGCTTGTT	CAGTAACGTA	CTGTGTAATA	CCAATTGTTT	CAGCTTGTC	11760
5	ATAGTAATCG	ATTGGTAAAT	CTACTACTAA	TCGTTGTGGC	TTTTTATCAA	CAAATTTAAC	11820
	TTTCCCTACT	GCTTGTGTGA	AATTAGAAAA	ATATGATTGC	AAATTATCAT	TAAATTGCTT	11880
	GAAATTATTA	TTTAAATTTT	CATCATAATC	TGCTGCTGTT	GAAGAAGGTA	ATAAAGCTGA	11940
10	TTTTTCATTG	ATATTATGCC	ATTCATTAAG	CTTTGTTTGA	CTCTTTTCTG	CAGTCGCTTG	12000
	AGTGATAAAT	TCACCTGGTG	TGATTGAATC	TTCACTTGAT	TGCTTATAAA	TTGCAAAATG	12060
	AATTGGTATA	TCTTTTAAAT	CATCATTTTC	ACGTAACCTT	GATAATATCT	CACTAGCCAT	12120
15	TGTTTTACCT	TGCTTTTTTAA	CTCGCTATCA	TCTAGTTTTT	TACTAAAAGT	CGATCCATCT	12180
	TTTTCTTTTT	TATAGTAATA	AACACTATTC	ATAGCTAAAC	CAATCGTCAT	ACCTTTAATA	12240
20	TTCTTACCTT	TTGTATCTCC	ACCACCATAA	AAATCTTGCT	CTAAAATGTT	AGATAAATAG	12300
	GCTGGTGATT	TTTCTGCAAT	CTTTTCAGGA	TCTGTTTCAC	CTCGTGTGA	TGGATTAAGT	12360
	CCTAAATTTT	CATTCGCTTT	CTTGTCTTTT	TTATCTTTTT	CAGACATTTT	ATCGATTTCA	12420
25	CGTTTTGTAT	ACTTAGGATT	TAAATAGGCA	TTAATTGTTT	TCTGTCCAA	AAATTGACCA	12480
	TCTTGATACA	AATATTTATC	TGTTGGAAAT	ACTTCTTTAC	TTAAGTTCAA	TAAACCATCT	12540
	TCAAAGTCGC	CGCCATTATA	ACTATTTGCC	ATGTTATCTT	GTAAAAGTCC	TCTTGCCTGG	12600
30	CTTTCTTTAA	ATGGTAACAA	TGTACGATAG	TTATCACCTT	GTACATTTTT	ATCCGTTGCA	12660
	ATTTCTTTTA	CTTGATTGA	ACTATTGTTA	TGTTTTTGAT	TATCTTTTCC	AGCCTGGTCA	12720
	TCCTTATGGT	TACCACAAGC	AGCGAGTATA	AAGATAGCTG	TAATCAATAA	TACTAATGTA	12780
35	CGCTTCATCG	ACATACCCCT	CTAACTATTT	AATTCATTTT	GCTTATCTAC	AAATTGTTGC	12840
	TCTGTCCAAA	TTTCAATACC	TAAACTTTGT	GCTTTTGTTA	ATTTTGAACC	TGCATCTTCA	12900
40	CCAGCAATAA	CGACATCTGT	ATTTTLAGTA	ACGCTACTTG	TAACTTTAGC	ACCTTGTGAT	12960
	GCAAGCCATT	TAGATGCTTC	ATTGCGTGTC	ATTGATGTA	GCTTACCAGT	CAGTACTATC	13020
	GTTTTACCAC	TAAATTCAGG	ATGTCCTTCA	ATATCTGATG	TTTTGATACC	TTTATAAATC	13080
45	ATATTAACAT	GTTTATCTTT	TAATTTTGA	ATTAAAGCAC	GAATATCTTC	ATTTTCTAAA	13140
	TAAGTAACTA	CAGATTGTGC	TACTTTATCA	CCTATATCAT	GAATTTCTAC	TAATTCCGCT	13200
	TCAGTTACCG	TTAGTAATCG	ATCTATCGTT	TCATATTTTT	CTGCTAACAC	TTGGCTCGCT	13260
50	TTAACACCTA	AATGCCTAAT	ACCTAGACCA	AATAATAAAT	TTTCTAAAGA	GTTGTCCTTA	13320
	GCTTGTGAA	TGGCAGCTAA	TAAATTATCA	ACTTTTTTCT	GCCCCATTCT	GTCTAAAGGT	13380
55							

TAAAGCTGTT GAATAATTTT AGTGCCTAAA CCATCAATAT TcATGGCTTG TCTTGaTACA 13500
 AAGTGrATCa ATCctTcAAC AAGTTGTGCT TGGTCATTTT GG 13542

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 155:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1893 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 155:

CAGTAAACAC CTCTGATTAC GAATATTTAT ACATTTATTT TAACACATGC ACTGATTTAC 60
 GACTACTAAA CACCTTTACG TAAAAAGGGT AAACATGGTT TATCTATCTT GGTATCTAT 120
 TTATAAATAT TTtTCATATT ACGCATAACA ATTGCTTAAA ATATGTATAA AAATGAATAT 180
 ATGTGTAATA AACTTGCTAA TTATTAGATT TAATAAGCGT CAATTGTTTG AACATATTtA 240
 ATTAAATCA CATTGATATC ACAGATACGA ATATTGTCGT ATAGAAATTG AAAATTCTAT 300
 TTTTAAATG AAAGCTTCA ACATAATTTT AAGTTTCAAC ATGAGAAAAA TCGATTAACA 360
 AACACGTC GTTGAATATG CCTTTTGAGA CATTTCAAAC TTTACAATTG TTGCTAATCG 420
 ATATATTTGC TTTTACTGAT CCCTGCTATA AAATAAATCA ACGATTTCTA ATAAGTGTTT 480
 TGTATTGAAT TGTTTCATCA TTTGCGTTAG TTCATCCACT GCTGCGTCTC TATGATAAGT 540
 CAATTTATCT TCTGCGCCAT CTTCCCTAA TAAACTCAG TACGTACTTT TATTATTTTC 600
 AAGATCGCTG CCCACTTTTT TACCTAACTT TGCTTCATCA CCATAGCAGT CTAATAAATC 660
 ATCTTTAATC TGGAACATCA TACCTAAATG ATAACTATAA CTTTCTAAAT GTTCTTTAGT 720
 TGTATCATCG ACATTAGCGA TATCTGCTGC ACTCATAACC GCAAAAGTTA ATAATGCTCC 780
 TGTTTTTGGT TTGTGTATCA TTCCAAAGT TTCAAGATCA ATTGGTTGGC CTTGCTTTG 840
 CATATCTAAC ATTTGACCGC CGACCATTC AACATGACCA CTTGCTATTG ACAGCCGTTG 900
 TAGAACTTTT ATTTTACTT CATCAGTTAA TCTATCATCA CTTGAAATAA GTTCAAATGC 960
 TTTAGTTAAT AAAGCATCAC CTGCTAATAT CGCAGTCCAC TCACCATATA CTTTATGATT 1020
 TGTTAATTTT CCTCGTCGAT AATCATCATT ATCCATCGCT GGTAGGTCAT CATGAATAAG 1080
 TGAATATGTA TGAATCATTT CTAGTGCAAT TGGCTCTTC ATACCTAACT CATACTCGGT 1140
 ATTTAGTGAA TCTAAAGTGA GTAATAACAG AACTGGTCGG ATGCGTTTAC CTCCAGCATT 1200
 TAATGAATAC AACATACTTT CTTCTAGCTG AGTATCCATT ACTGATTTAT TTATCGCAAC 1260

CATCCTCAGC TTCTTCTTTT ATTAAGTCAT TCACCTTTTT TTCGGCATT TTTAAAGTTG 1380
 TGTCAACAAGC TGCTGATAGT TTCATACCAC GTTGATATAA ATCTAATGAT TCCTCTAAAG 1440
 5 ATACTGTTTC ATTATCTAAT TTTTGAACAA TTTGCTCTAA TTCTTGCATC ATTTCTTCAA 1500
 AACTTTGCGT TTCTTTAGTC ATTATTACAC CTTACTTTTCG TAACTTTTGC ATCTACTAAG 1560
 CCATCTTTCA TTGTTAACGT CAATTGATCA TTTTCTGTTA AATCTTTAGT ACTCGTAATG 1620
 10 ACTTCGTCTT TTTTATTAAAC AATTGCATAT CCACGCAACA TTGTATTAGT TGGACTTAAA 1680
 TTGTTTAAAGT TTTCTACTTT ATTTTTCAAA TCATTTTAT AACTTAATAT CTTAGAATTC 1740
 AATAATTTAA CAAGTTGGTT TGTCAATTGA AGATTATnTT GTTGTTCTTG ATTAACACTA 1800
 15 CTTAGTAATG CTTTAAATn ATAACGTTGG TGCAACAGCA TTAAATCGAG GCCCCGGTGG 1860
 TCCAAAGTTG CCCGAATTnG TGGTTTCAGG CCC 1893

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 156:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 821 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - 25 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 156:

30 AAAATATATT CCTTCACTTA ATATTCAATT AGAGAAAAAC ATGCTGATTG TAATATGTTG 60
 TGCAATATTT CTGGGTGTTT TAATACTTTT TTTATTTCTG AATCGTAAGC TAAGGTGGGA 120
 AATTTATAAT AATAACTCTA GTAAAGGGAA AATAATTTTA TTTCTTCAT TAAAAAACTT 180
 35 TTGTTTCACA ATATTTTATT ATTTTTTATT TGGCGGTCTT TCAATAATGG CTCTAAGTAT 240
 GTTATTAACT TTAAATCCTC AAAATATAAT AGGCTTTATT GGTTGGTTGG TAATGACTGC 300
 AGGTTTCTTT CTGTAAACA TGTCATCGAT TATTGACAAA AAAATTTATG TATTATCTAA 360
 40 AACTAACACG GTGGAAAAAT GATGGTTTAG CTGGATTAC TGCAGGTTCT ATTTTCGGCAA 420
 TACTTGATA TTGGACCAAT CAAAAAATG AATTGGAAT AAAAGATAAA AACGATTGGA 480
 45 TAGGACATAA ACTAGACGTT GGTATAGATG CTGTAGAAAA ATCTGCAGAA AAAACAGTAG 540
 ATGGTGTGTA AAATGTCATG GTGAAGCTTC AAAAAGTATT TCTAATCATA TAAGCCCTAA 600
 GAAATGGAGC TGGTAAATGT TGCTATGCGA ATCTAAATC ATCAATAAAA ACCCAAATA 660
 50 TAGAATTATT AAATATAATG ATGAATACTT AATGGTCGAT ATAATAAGCA CTTGGATTAG 720
 TTTATTTTTT CCTTTTATTA ATTGGTTCAT CCCaAAAGaA TACGTCAAAA TTAGTAGAGA 780

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 157:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2343 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 157:

```

AGTAAGATAA TTTTCAATTA GAAAATATCT TACTGCTGTT CTCTATTAT ACAATACTTC      60
GTATTGAATG GcTTTCGCTTT CCTAGGGTGC CGTCTCAGCC TTGGTCTTCG ACTGGCACTG      120
CTCCCTCAGG AGTCTCGCCA TTAATACTAC GTATTAACAT GTAATTTTAC TTTGAAATAC      180
TTTTAAAAAA TAAGACACTT TGCCCAACTT GCACATAAAT GTAAAATTCA ATAAAATGAA      240
TTTTCTGTGT TGGGTCCCTT CTTATAATTT AATAAATACC ACTAACTAA ATTAACGAGG      300
TGCCTTATGT ATAAAAATTA TAACATGCCC CAACTACACT ACCAATAGAA ACTTCTGTTA      360
GAATCCCTCA AAATGATATT TCACGATATG TTAATGAAAT TGTGAAACy ATACCTGATA      420
GCGAATTGCA TGAATTCAGA CATCATCGTG GCGCAACATC CTATCATCCA AAAATGATGT      480
TAAAAATCAT CTTATATGCA TATACTCAAT CTGTTTAATT ATGTTCAAAG CATTAAAGTA      540
ACAAGACAAT ATCTAAGATA TCAAAGATAG AAATTTTTTG ACGTTGTTGC TGATTGTAAA      600
CATAACCATC AATTTTCATAA TTAATAGCAT CAATACGATA AATGGTTAAG CGTACTGAAT      660
CTACAAAGCC ATTATTATAA AATTFAACTT CTACAGGTTG GGCATATTGT AGCGCCTCGT      720
GTAGCCGAAT GTTTAGCTCA GCCAATTGAT CATCTGATAA TACAGGACGT GTAATTTTGT      780
TTTGGTCGAT AATGTATTGT TGAATCGTTT CGAATTGTTC GGGTAATGTT GCAAAAGGAG      840
CCCAATTTAAT CATGCCTCTT CCCATAGGTA TATTGTTATC TAGTAATTCT CTTGGAACGT      900
TACGATAATC AGTTTCTTCT TCATAACTTG TCATCCTTAA TTCACCCCAA TCTGATAATT      960
ACATTATACG AACATGTGTT CTATTTTGCA ACAAAAATTT TGTGGaAGCA TAAACGCGTT     1020
AATAATTAAT GCTCGTGAA GTAAAAAGA GGGATTAATT AAAATCGAAT AATGaCATAT     1080
CACaGCAAAAT AGTTCTTTTA AAGTAGTTAA ATAGTTTTAG CTTTAAGGAA aTGATAAAaTG     1140
ATTGTWAATT CTAGCTAAAA TTTAATAAAA TGAAAATAAG ACTAACATGG AGGGGTAAAA     1200
GTAATGACAA ATGGATATAT TGGTCTTAC ACTAAAAAGA ATGGTAAAGG GATTATCGT      1260
TTTGAATTAA ACGAAAATCA GTCACGTATT GATTATTAG AACAGGATT TGAATTAGAA     1320
GCGTCTACAT ATTTGGTGCG TAATAATGAA GTTTTATATG GAATCAACAA AGAAGGAGAA     1380

```


TGT TTTGTCTT CAAAAGCTGG TACAGGTTGT TATGTATCGA TTTCAGAAGA TAAACGATAT 1500
 TTATTTGAAG CGGTATATGG TGCTGGCATC ATACGTATGT ATGAATTAAA TACGCACACA 1560
 5 GGTGAAATTA TACGTCTAAT TCAAGAACTT GCACATGATT TTCCAACAGG TACACATGAA 1620
 AGACAAGATC ATCCACACGC ACATTATATT AATCAAATC CAGATGGTAA GTACGTTGCA 1680
 GTAACAGATT TAGGTGCTGA TCGTATCGTT ACTTATAAAT TTGATGACAA CGGGTTTGAA 1740
 10 TTTTATAAAG AATCTTTATT TAAAGATAGT GATGGGACAA GACATATTGA ATTTTCATGAT 1800
 AATGGAAAAT TTGCTTATGT CGTACACGAA TTATCAAATA CTGTGAGTGT TGCAGAATAT 1860
 AATGACGGTA AATTGAAGA GCTCGAGCGT CATTTAACA TTCCTGAAAA CTTTGATGGA 1920
 15 GATACTAAAC TTGCAGCAGT GCGTTTATCT CATGATCAAC AATTCTTATA TGTATCTAAT 1980
 AGAGGGCATG ATAGCATTGC AATTTTTTAAA GTTCTTGATA ATGGTCAACA CTTAGAACTA 2040
 20 GTAACAATT A CTGAAAGTGG TGGTCAATTC CCAAGAGATT TTAATATTGC CTCATCAGAT 2100
 GACCyTTTAG TTTgTGCTCA kGaGCaAGGA GATTCAGTTG TAACTGTTTT CGAAAGAAAT 2160
 AAAGAAACAG GTAAATTAC GCTATGTGAT AACACTCGTG TAGCATCTGA AGGTGTATGT 2220
 25 GTCATATTTT AATCTTTAAT TAATCATGAT AAAAAGAAAA CCATGTTTCC AAAAAATTTG 2280
 TGTATACCTT GAAATTTATT GnTTTCCAGn ACATCAATTA TGGGAAGCAT GGnTTATTTT 2340
 TGT 2343

30 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 158:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 4837 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 35 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

40 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 158:

AAATTGCCAG TTGGTATCGC TTCTGGTGCA GTAGTCGAAG GTTCTTCCA AGGTATCATT 60
 CCGATTGGCT ATATCGTTAT GATGGCAGTA TTGTTATACA AAATTACTGT TGAATCTGGA 120
 45 CAATTTTAA CAATTCAAGA TAGTATTACA AATATTTAC AAGACCAACG TATTCAAGTT 180
 TTACTTATTG GATTTCATT CAACGCATTT TTAGAAGGTG CAGCAGGATT TGGTGATACC 240
 ATTGCAATTT GTGCACTTTT ATTAACACAA TTAGGATTTA ATCCATTAAA AGCTGCGATG 300
 50 TTATGTTTAG TCGCAAATGC AGCGTCTGGT GCTTTTGGTG CGATTGGTAT CCCTGTAGGT 360
 GTTGTAGAAA CGTTGAAATT ACCTGGAGAT GTTTCAGTAT TAGGTGTTTC TCAATCAGCA 420

55

	GGTTTTAGAG GTGTTAAAGA AACATTACCA GCAATTTTAG TAGTTTCAAT CACTTATACA	540
	CTTACTCAAG GATTATTAAC TGTATTCAGT GGACCTGAAT TAGCAGATAT TATTCCACCG	600
5	TTATTAACAA TGTTAGCATT AGCAGTATTT TCTAAAAAAT TCCAACCAAA ACACATTTAT	660
	CGTGTTAATA AAGATGAAGA AATTGAACCT GCAAAAGCAC ATTCTGCAAA AGCAGTATTA	720
	CATGCATGGA GCCCATTTCAT TGTATTAACA GTCATTGTAA TGATTGGGAG TGCGCCATTTC	780
10	TTTAAAAACT TATTCTTACC AAATGGTGCT TTATCATCAT TAGTATTTAA ATTCAACTTA	840
	CCTGGaACAA TCAGCGAAGT TACGCATAAA CCATTAGTAT TGA CTTTAAA TATTATTGGA	900
	CAAACAGGTA CAGCTATTTT ATTA ACTATT ATTATTACAA TTTTAATGTC TAAAAAGGTT	960
15	AACTTTAAAG ATGCAGGTAG ATTATTCGGC GTTACATTTA AAGAGTTGTG GTTACCAGTT	1020
	CTTACAATTT GTTTCATCTT AGCAATTTCT AAAATCACAA CTTATGGTGG TTTAAGTGCA	1080
20	GCAATGGGTC AAGGTATTGC TAAAGCAGGT AATGTCTTCC CAGTTCTATC ACCAATTTTA	1140
	GGTTGGATAG GTGTGTTTAT GACAGGATCA GTTGTAATA ACAACTCATT ATTTGCACCA	1200
	ATTCAAGCTT CTGTTGCACA ACAAATTGGA ACAAGTGGTT CACTTCTTGT ATCTGCTAAT	1260
25	ACAGTTGGTG GTGTAGCGGC AAAATTGATT TCACCACAAT CAATTGCAAT TGCAACTGCA	1320
	GCAGTAAAC AAGTTGGTAA GGAATCAGAA TTATTAAAA TGACATTGAA ATACAGTGTA	1380
	TGTTTACTAA TATTCATCTG TATTTGGACT TTCATCTTGT CATTATTATA AAAAAACGTA	1440
30	TTTCAAAATA TAAATATACA GAAGGTGAGA TGTTTTCTAA CATCTCATCT TTTTTTTATG	1500
	GATCATTAAT GAAAGAAGTT TGACATTATA ATAATGGTAG CGCTTTATGT TAAAATGAAT	1560
	AGTGAGTAAT CAGCAATCAA ATTAAATTGG TTGATAGCTG TTAAGGTTTG TGTTTTGTGTC	1620
35	TTTGTGCTAT CGCnCATAAA GTATATAATT AAAGTAGTTT CGTTATTATA AAATATTAAT	1680
	ATACATAGTA GATAGTAATA GAGCATCACC ATGGGAACCT ATTGAGACAC TTATTGATTT	1740
40	AAAGTGGTAT TAATATGTCG TATTTCTCGA ACGTTCCATT ATTCATTTTA AAAAGGGGGA	1800
	CTGTATTTGT TATGACAACA CAACATAGCA AAACAGATGT CATCTTAATT GGTGGCGGTA	1860
	TTATGAGTGC aCATTAGGAA CTTACTTAA AGAATTATCA CCTGAGAAAA ATATTAAAGT	1920
45	GTTTGAAAAA TTAGCACAAC CTGGCGAAGA GAGTTCAAAT GTATGGAATA ATGCCGGTAC	1980
	AGGGCATTCA GCACTTTGCG AGTTGAACTA TACAAAAGAA GGTAAGGATG GCACAGTTGA	2040
	TTGTAGTAAA GCAATTAAGA TAAATGAGCA GTACCAAAT TCAAAACAGT TTTGGGCATA	2100
50	TTTAGTTAAA ACAGGACAAT TAGATAACCC AGATCGCTTT ATTCAAGCGG TGCCACACAT	2160
	GAGTTTTGTC ATTGGCGAAG ATAATGTAGC TTTTATAAAA AGTCGTGTTG CAACGTTAAA	2220

55

	GGTACCGTTA ATGATTGAAG GTCGTAAAGTC TGATGAACCA ATTGCTTTAA CTTATGATGA	2340
	AACTGGTACa gATGTAACT TTGGTGCGTT AACTGCAAAG TTATTTGATA ATTTAGAGCA	2400
5	ACGTGGTGTG GGAATTCAAT ATAAGCAGAA TGTATTAGAC ATCAAGAAAC AGAAATCTGG	2460
	GGTATGGCTA GTTAAAGTTA AAGATTTAGA AACTAATGAA ACGACAACAT ATGAATCTGA	2520
	TTTTGTATTT ATTGGTGCTG GCGGTGCGAG TTTACCATTa CTCCAAAAGA CTGGGATTAA	2580
10	ACAATCAAAA CATATTGGTG GTTCCCGGT AAGTGGATTA TTCCTGCGCT GTACAAATCA	2640
	AGAAGTGATT GATCGTCATC ATGCTAAAGT GTACGGAAAA GCAGCAGTGG GTGCGCCACC	2700
	AATGTCAGTG CCGCACTTAG ATACACGTTT TGTAGACGGC AAGCGTTCAT TGTTATTTGG	2760
15	TCCATTTGCA GGTCTCTCAC CTAAATTTTT AAAAACAGGT TCACATATGG ATTTAATTAA	2820
	ATCGGTTAAA CCAAATAATA TCGTGACGAT GTTATCTGCA GGTATCAAAG AAATGAGTCT	2880
20	TACGAAGTAT TTAGTGTAC AATTGATGTT ATCTAATGAT GAGCGTATGG ATGATTAAAG	2940
	AGTCTTTTTT CCAATGCTA AAAATGAAGA TTGGGAAGTG ATTACAGCAG GGCAACGTGT	3000
	CCAAGTAATC AAGGATACTG AGGATTCTAA AGGTAACTTA CAATTTGGTA CTGAAGTTAT	3060
25	TACGTCAGAT GATGGCACAT TAGCTGCATT ACTTGGTGCA TCACCTGGTG CGTCAACAGC	3120
	TGTAGATATT ATGTTTGATG TTTTACAGAG ATGCTATCGT GATGAATTCA AAGGATGGGA	3180
	ACCAAAGATT AAAGAAATGG TGCCGTCATT TGGTTATCGC tTAACAGATC ATGAGGATTT	3240
30	ATATCATAAA ATTAATGAAG AAGTAACTAA GTATTTACAA GTTAAATAAT AAACGAAACG	3300
	GTAATGTCTT TTTAATGTG ATAGACATTA CCGTTTTTTA GTGGTTAATA AAAATCATTT	3360
	TAATTGTTTC AGTTGCTTGT TAATAGTGTC TACGTAGTTC TTGTTTTTAA AGAATTGAAT	3420
35	TATCCAAATT AATACATAAA CCACAATGAA GATAATTGTG AATATGATTA GATAATGCAC	3480
	TGTTAGTGGA AACCAACCGG CAAGCATTGC TAAAGGCAAG AATCCGACAT ACGTTGTTAT	3540
	GAAATGCATT ATAGTTGCTT TAGTAATGCT CCAATCTGTG TATTTAAAGA TAAATCTCC	3600
40	AAGGAAAAAG ACGACGCCTA TGAGTAACCA TAAAATGATA GAAATCAACA TTACGGTAGT	3660
	TTCTGTGAAA TGCGTATAAT ACAATATGCC AATAGTTGAT TGTGGGTTCA GTGGATAATA	3720
45	TTTGCCGTCT GCAAATAACA TACTAAAGAA CAGTGAAAGG GACAAACCAA TGATTAAGCT	3780
	AATAAATAAT GAGTTTTTCA AATTTTTCAT ATTGATAAGC GCTCCTTTAT AGATTTTAA	3840
	TAACGTCTAG AAGAATAGGT GTAGTGTGCA TCTTTAAGAT ACATACGTAT AAGTCCATTT	3900
50	GGCTCTAATA ATAATTTTTC AATGTAATAC TTGTTGACGA TTTCTGATTT GGAAATGCGA	3960
	ATGAAATGTT GTGGTAACTG TTTTCTAGT TCATAAAGTC GTAATTTTAG TTTGAATTTT	4020

55

ACATTAATGA TATGGATTTC TTTGTCTATG TATCCGACTA ATGTATGTGA TTTGTCTAAA 4140
 TCATTGACTG CATTATAAT ACTTTGAACG TTATCATTCA TTTTAGGTGC ATGTATATCA 4200
 5 ATATAAGATT CCGTCTCATT TGCATTGATA AATAAATTGA GTTTCATCAT AGGTTAATGC 4260
 CTCCTTCAAA ATTATTAAAC CATAAATGAC CATCGATATA TTTAAATTTT GTTGAATGGT 4320
 AGAAATTAAA TGTTAAGTGG CTAGAAAGCG CTAATCAATA TAAAAGATAC CTCCTGAAAT 4380
 10 AAAAAAGAGAA ATGTTTTTTC AGGAGGTAGA GATTAAAGTG AATTATTTGG CAGTGTAATA 4440
 GTAAAGGTGG TTACATACTC GTTACTTTGT GTGAATTGGA TTGTACCATG ATGCAATTCA 4500
 ATGATGGATT TTGTAATTGC AAGACCTAAA CCATTGCTAT TATCATGTTT GCTCACTTTA 4560
 15 TAAAAACGTT CAAATAAACG TGCTTCAGCT TGTGGACTAA TTGGTGAACC ATCATTACTT 4620
 ATGTGAAAAA TGATATTGTT GTGACTATGT TGCAAAGCGA TGTCAATGGC ACCACCAACA 4680
 20 TCTGTATACT TAATAGCATT TATTAATAAA TTAGTCAATG CTTGATGTAA CAAACGTTGA 4740
 TTTCTAGGA AATTGATGAT TCTAGGTCAG CTAATATGAT TAACGACTTT TCATCAGCAG 4800
 CAAATTGTTT ATGTCGAATG ATATCTTAA TGAGCTG 4837

25 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 159:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1600 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 30 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 159:

35 ACAATTATTG GATTATTATC AAGCAACGTT AATGGATGAC TTCCACTTAC AACAGAAATG 60
 CCCATAGATT CTAAATCTCT TGCATGAGCA TCTTGTGATA AGTCTTTTCC ATCATTGACA 120
 GTTACATTG CACCTAATTT ACTTAATAAT TTAGCTGCTT CATAACCACT TTTTGCCAAA 180
 40 CCGACAACCTA ATACATTTTT ATTTTCTAAC CCTGTATAAT TAAGCATCTT AATGCACTCC 240
 AATCCATAAA CCGATTAAAC CTGAAATCAG ACCAACAGCC CAAAATACTG TAACTACTTT 300
 45 CCATTGCTC CATCCTATCA ATTCAAAATG ATGATGAATC GGACTCATT TAAATATACG 360
 CTTTCCAGTC AATTAAAGC TAGCGACTTG TAACATAACA GATAATGTTT CAATTACGAA 420
 TACTAAACCT ATAAAAATTA ATGATAATTC CTGATTAAGC ATGATTGAAA TGGTAGCAAA 480
 50 TATACCACCT AAAGCTAAGC TACCTGTATC TCCATAAAC ACTTTAGCAG GGTAAATGTT 540
 ATATGGTAAA AATCCTAAAA GTGCAAACAA CATAATGATA CAGAAAATAC CAATTGCCGT 600

55

TGCTAATCCA TCTAAACCAT CTGTTAAATT TACTGCATTA GAAAAACCTA CTTGCCAAAA 720
 AACAAATGAAA ATAACATATG CAAATGATAG TGGGATTGCT ACATTCGTAA ATGGAATATG 780
 5 TATGCTCGTA GAAAAATTCA CCAAATGAAA CACATTACTT AAAACAAAGA ATATAATCGC 840
 AATACCAATT TGCGCCAAAA ACTTCTGTTT ACTTGTTAAA CCTTGGTTAT TCTTTTAAAC 900
 AACAAATAATA TAATCATCTA TAAACCAAT TAACCCAAAA CCAATCGTCA CAAATAATAA 960
 10 CAGTATGATT GGATTAGCTT GATCTACAAA TATAATAGCC ACCAAAGACG TTATCACAAT 1020
 ACTTAATAGA AATGTTAGTC CACCCATCGT TGGTGTACCA GTCTTCTTCA TATGGCTTTG 1080
 15 TGGACCTTCT TCTCGAATAC TTTGACCAAA TTTCATCCTT TTTAATGTAG GTATTAAAC 1140
 AGGTACCAAA ACAATGTAA TCACTAGCGC TAATAACGCA TATACAAAA TCATAACTAT 1200
 CTCCTCTTCT TAATCCAGAC TTTTAAACC ACTAATATAT TATCAATTTT TCAATTAAAT 1260
 20 AAACAAAGTT GTAATCAAAA TTTATAATTT TTCTTTTTTA CGGCATAAGA GGCCAGTATA 1320
 AAAAGTTTGC CTATAACAAA CAAGTTAATC TGACCTCGTC TACCTTAAAA TTCTCTATCA 1380
 ACACTTATTT ATAAAGATTA AATGAAGATG TTGTTTTCTA TCACAGCATT ACTTTAGTAA 1440
 25 AAACAAATAG TGACAATACA TCCTAATTTA ATGTAGCCAT TCTTGTTAGT CCGACTTATC 1500
 CTTGTCAAGT TTAATGTCAG ATTTCTCTT ATCATCTGAA TTTGAATCAG AATTATTCGT 1560
 CGAATTGCTG TCTACATTCT CTGGATGGAA AATTCTACGT 1600

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 160:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1186 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 160:

ATTGCCTTTG TTTTAATTTT AAATCAAAAT mGCCTATGAA AGATTTAAAT CAATTAATTT 60
 CTATAATATT ATCATTTTTA AAGCATATCA TTGTTTAGTT TTTTATAAT TGGATAAATA 120
 45 CTAATAGTTA CTTTATAAAA CATTACATAG AGAAAGGTTA AGGAGTGCAC ATGTCGAAAA 180
 AGGATCACTC TTCTTCAAAA TACCTTAATT CTGTTAAGGA AGCGCAAGAG GAGTCAAAAA 240
 AGAAAAATAA AAGTAATCCC AAAATTGATG TTGATCGTAC ATATATTGAA CCTCAACAAT 300
 50 TCCAATCTAA GAAACCTAAA AAAGATGATC AGGTTTTCTT CTTATCAAGA TTAAATAAAC 360
 CTGCAAAATA TAAGAAAGAC TCTAATTTCT TATCATATCT CATCTATCGC ATAGGAAAAG 420

TGTGCTTTT CCTATTAACA TTATTACCAT TTTTCAATAT TAAGCAGAGT CAAATTACTA 540
 ATATGTTAAG CAATGCACCC GCTGAAACAT CTA CTACTCTAAT TAAGAGTGTA ATTGGTGATA 600
 5 TAACTCAAAA CTCCAGTGGT GGCTTATTAT CTATCGGTTT GATTTTAGCA ATTTGGTCAG 660
 CTTCAAATGG AATGACTGCA ATTATGAATT CTTTCAATGT TGCTTACGAT GTAGAAGATA 720
 GCCGTAATGG AATCGTATTA AAAC TACTAA GTGTTGTCTT CACTGTAGTT ATGGGCGTTG 780
 10 TGTGTGTAGT TGCTCTAGCA TTACCAACGC TTGGTCTGT AATTAGTCAT TTCCTATTCG 840
 GTCCACTTGG ATTTGACGAA CAAGTGAAAT GGATTTTAA CCTTATTAGA ATTGTGTTAC 900
 CAATCATTAT TATATTTATC ATATTTATCG TGTTATATTC GGTTGCACCT AACGTTAAAA 960
 15 CGAAGCTTAA GTCAGTATTA CCAGGTGCAG TATTTACTTC AATTATTTGG TTAGCTGGTT 1020
 CATTGGTTTT TGGTTGGTAT ATTTCAAAT TTGGTAACTA TTCTAAAACA TATGGCAGTA 1080
 TCGCGGGTAT CATCATTTTG TTACTATGGT TATATATCAC AAGTTTATT ATAATTGTCG 1140
 20 GCGCTGAAAT CAATGCAATC ATTCATCAGC GTAGTGTAA TAAAGG 1186

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 161:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 7872 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 161:

TCTTGAGCCA TCTTTTGAGC TAACTGACTA GATTGATACC CAAAAATCAT AGTTACCAAC 60
 35 ATAAACTTTA ATTTTACCGA AGTCTAAATC AGCGATATGA GTACATACAT TATTTAAGAA 120
 ATGACGGTCA TGC GATACTA CGATAACAGT ATTATCAAAG TTAATTAAGA AATCTTCTAA 180
 CCAACTGATT GCTGGAATAT CGAGACCGTT AGTAGGCTCA TCCAGTAATA GTACGTCTGG 240
 40 TTCACCGAAT AAAC TTTGCG CTAATAATAC TTTAATTTTT TGGTTGTTTT CTAATTCAGC 300
 CATTTTTTTA TCGTGTAAG TTGGATCGAT ACCTAAACCA GATAAAAGGT TAGCAGCATC 360
 45 AGCTTCAGCA TTCCAACCAT TCATTTCTGC AAATTCACCT TCAAGTTCAG CAGCACGGAT 420
 ACCATCTTCA TCACTGAAAT CTGGCTTCAT ATAGATTCA TCTTTTCTT TCATAACCTC 480
 ATAAAGACGT TCGTGACCTT TAATTACAAC ATCAAGCAG CGTTCATCTT CATAAGCATA 540
 50 GTGGTCCTGT TTAAAACAG CTAGACGTTT ATTTTCCCT AATGAAACAT GTCCTGTTTG 600
 AGAATCTAAT TCACCAGATA ATATTTTAA GAATGTTGAT TTACCTGCAC CATTGCGACC 660

	ATCTCCAAAA CGTAAACTCA CATCAGTTAC TTGTAACATG CATTTTCTCC TTTTTTTCAT	780
	TCGATATTCT AACGGAAGAA TTATATCATA TTATCGTCAC AGTTTCGACC TCATATAAGT	840
5	TGTAATGATA GAATGACTCA CACATGTTAT AATAATAAAG AATACAAGAA TCGAAGGAGA	900
	ATAACATGGC ATTAGACAAA GATATAGTAG GTTCTATAGA ATTCCTTGAA GTAGTAGGGT	960
	TACAAGGTTC AACTTACCTT TTAAGAGGAC CAAACGGTGA AAACGTAAAG TTAAACCAAT	1020
10	CAGAAATGAA CGATGATGAT GAATTAGAAG TAGGTGAAGA ATATAGTTTC TTCATTTATC	1080
	CAAACCGTTC AGGTGAATTA TTTGCAACTC AAAATATGCC TGATATTACG AAAGATAAAT	1140
15	ATGACTTTGC TAAAGTACTT AAAACGGATC GCGATGGGGC ACGTATAGAT GTTGGATTAC	1200
	CCCGTGAAGT GTTAGTACCA TGGAAGATT TACCAAAAGT GAAATCACTA TGGCCACAAC	1260
	CTGGTGATTA TTTGCTAGTT ACATTACGAA TTGACCGTGA GAATCATATG TATGGACGTT	1320
20	TAGCGAGTGA ATCTGTTGTA GAAAATATGT TTACACCTGT ACACGACGAT AATTTAAAAA	1380
	ACGAaGTCAT TGAAGCCAAA CCTTACCGCG TATTACGAAT TGGTAGCTTT TTATTAAGCG	1440
	AATCAGGTTA CAAAATTTTC GTACATGAAT CAGAACGTAA AGCTGAACCA AGATTAGGTG	1500
25	AATCTGTTCA AGTTAGAATT ATCGGGCATA ATGATAAAGG TGAGTTAAAT GGTTCATTTT	1560
	TACCACTTGC ACATGAACGT TTAGACGATG ACGGCCAAGT CATCTTTGAT TTACTAGTTG	1620
	AATATGATGG TGAATTACCA TTCTGGGACA AATCAAGCCC TGAAGCGATT AAAGAAGTAT	1680
30	TCAATATGAG TAAAGGTTCA TTCAAACGTG CAATCGGTCA CTTATATAAA CAGAAGATTA	1740
	TTAATATAGA AACAGGTAAA ATCGCTTTAA CTAAAAAAGG TTGGAGTCGA ATGGACTCAA	1800
	AAGAATAATC ATTTTACAC GTGTCGTAGG ATGCGTGTTC TTTTATTCA ATATTAAATC	1860
35	GGACAGATGA AGTAGTTTTT TAAACATTCC TTTCAAAGTA AAAAATTAAA TAATTCAAAC	1920
	GAATAGGCTG GGaCATTaAG TTCTTAGGCA ATGTAAAAA GCTGATTTCT ATTAATTATT	1980
	TGATGGAAAT CAGCTTTTTT GATATGTATT TTATAATGTA CAGCTCGTTG AGCTGCTATT	2040
40	TTCCTTATAT TAAGTGCCAT TAATACAAA CCTAGCTCTC GTTTAACTTT ATTTATTCCT	2100
	CGAACTGACA TTCGAGTGAA aCCCAAAATA GCCTTCATAA ATCCAAAAAC AGGCTCTACA	2160
45	TAAATTTTTC TATGACTATA GATTTTTTTC GTTTCTGGTT CAGAAAGCTT TTGaTTAATT	2220
	TGGGCTTTAA TGTATTTCAA AGTAAAATTA CATGTTAATA CGTAGTATTA ATGGCGAGAC	2280
	TCCTGAGGGA GCAGTGCCAG TCGAAGACAG GGGCCCCAAC ACAGAAGcTG ACATATAGTC	2340
50	AGCTTACAAC AATGTGCCGG TTGGGGTGGC TGAGACGGCA CCCTAGGAAG GGACCCGTCA	2400
	TCAAAAATTC TATTTATAGA ATTTTACAGT AATGTGACAG ACGGGCAAAG CGAAgCCATT	2460
55		

	CTTACTGCTG TTTTTTAGG GATTTATGTC CCAGCCATTT TTGTATTCAT ATTTAAATTT	2580
	CGATAATTTT TCAGGAAGCA TTTTAATTTT ACTAATGAAG CAATATTTTT TAGATTAACA	2640
5	AAAATTAATA TTTACATTTT CTTAACAATT TTTTATGTAA CATTACAGT TTCTAAAAAT	2700
	GAGGTTAATA ATTCAAGGTT AAGATAAAGA TGTAATCAAT ACAAATACTA TTTGTTGTTC	2760
	ATACAGGGAG GATATTTCAA TGAAAAAATG GCAATTTGTT GGTACTACAG CTTAGGTGC	2820
10	AACACTATTA TTAGGTGCTT GTGGTGGCGG TAATGGTGGC AGTGGTAATA GTGATTTAAA	2880
	AGGGGAAGCT AAAGGTGATG GCTCATCAAC AGTAGCACCA ATTGTGGAGA AATTAAATGA	2940
15	AAAATGGGCT CAAGATCACT CGGATGCTAA AATCTCAGCA GGACAAGCTG GTACAGGTGC	3000
	TGGTTTCCAA AAATTCATTG CAGGAGATAT CGACTTCGCT GATGCTTCTA GACCAATTAA	3060
	AGATGAAGAG AAGCAAAAAT TACAAGATAA GAATATCAAA TACAAAGAAT TCAAAATTGC	3120
20	GCAAGATGGT GTAACGGTTG CTGTAAATAA AGAAAAATGAT TTTGTAGATG AATTAGACAA	3180
	ACAGCAATTA AAAGCAATTT ATTCTGGAAA AGCTAAAACA TGGAAAGATG TTAATAGTAA	3240
	ATGGCCAGAT AAAAAAATAA ATGCTGTATC ACCAACTCA AGTCATGGTA CTTATGACTT	3300
25	CTTTGAAAAT GAAGTAATGA ATAAAGAAGA TATTAAAGCA GAAAAAATG CTGATACAAA	3360
	TGCTATCGTT TCTTCTGTAA CGAAAAACAA AGAGGGAATC GGATACTTTG GATATAACTT	3420
	CTACGTACAA AATAAAGATA AATTAAAAGA AGTTAAAATC AAAGATGAAA ATGGTAAAGC	3480
30	AACAGAGCCT ACGAAAAAAA CAATTCAAGA TAACTCTTAT GCATTAAGTA GACCATTATT	3540
	CATTATGTA AATGAAAAAG CATTGAAAGA TAATAAAGTA ATGTCAGAAT TTATCAAATT	3600
	CGTCTTAGAA GATAAAGGTA AAGCAGCTGA AGAAGCTGGA TATGTAGCAG CACCAGAGAA	3660
35	AACATACAAA TCACAATTAG ATGATTTAAA AGCATTATT GATAAAAATC AAAAATCAGA	3720
	CGACAAGAAA TCTGATGATA AAAAGTCTGA AGACAAAAAA TAATAAGACG CAATTTCAAA	3780
40	TGTGTCTTGA AACATGATTT TGATGGTGAA TCATTATTTA GAGTACAAAG CTTGATTTAT	3840
	CGAGACGCTG ATTTTGACAT TCAGTTAGTC TACAAGCTTA TCAACTTAAA ATAGTGGTTC	3900
	ATCATTATTT TACAAATCTA ATTATTTTGG GAGTAATAGA AAGAGGTTTG ATTATGACTT	3960
45	CATCTACTAA TGTTAAAGCT TTAATCGAAA AAAATAATAA TAAAAAAGGA AAGCATAATG	4020
	ACAAAATTAT ACCAGTTATT TTAGCCGCAA TTTCAGCGAT TTCCATTTTA ACAACACTAG	4080
	GTATATTAAT CACATTGCTT TTAGAAACCA TCACTTTTTT CACCAGAATT CCAATAACTG	4140
50	AATTTCTATT TTCTACTACT TGGAATCCTA CCGGTTTCTA CCCTAAGTTT GGTATCTGGG	4200
	CATTGATAAT AGGGACTTTA AAAATCACAG TTATTGCGAC TATATTTGCA GTTCCAGTCG	4260

55

	AACCGATATT AGAAATTTTA GCAGGAATAC CAACAATTGT GTTTGGTTTC TTTGCATTAA	4380
	CCTTGTTAC ACCAGTATTA AGATCTTTCA TACCAGGTCT TGGAGAGTTT AATGCTATAA	4440
5	GTCCCGGCTT AGTTGTCGGT ATTATGATTG TCCCTCTCAT CACAAGTTTG AGTGAGGATG	4500
	CAATGGCATC TGTACCAAAT AAAATTCGAG AAGGTGCCTA TGGACTTGGA GCAACTAAAT	4560
	TAGAAGTAGC AACTAAAGTC GTACTTCCCG CAGCAACATC AGGTATTGTA GCTTCAATCG	4620
10	TTCTCGCGAT TTCAAGAGCA ATTGGAGAAA CGATGATTGT ATCATTAGCG GCAGGTAGTT	4680
	CGCCAACAGC TTCATTAAGT TTAACAAGTT CGATTCAAAC AATGACTGGA TATATTGTTG	4740
	AGATAGCGAC AGGTGATGCA ACATTTGGAT CAAATATTTA TTACAGTATT TATGCTGTAG	4800
15	GGTTCACACT ATTTATCTTT ACCTTAATCA TGAATTTACT TTCTCAGTGG ATTTCTAAGC	4860
	GTTTTAGGGA GGAGTATTAA TATGGAAACG ACAGATAATA ATAGACAATC ACTCGTCGAT	4920
20	CAACAACCTG TCCAAAAACA TTTATCATCC AGAACGGTTA AAAATAAAGT GTTCAAACCTC	4980
	ATATTTTTAG CATGTACATT ATTAGGACTT GTCGTACTTA TTGCGTTGTT AACTCAAACA	5040
	TTGATTAAAG GGGTAAGTCA TTTAAATTTA CAGTTTTTCA CTAATTTTTC TTCTTCAACA	5100
25	CCATCTATGG CTGGCGTTAA AGGCGCGTTA ATCGGTTTAC TTTGGTTAAT GTTAAGTATC	5160
	ATTCCATTAT CAATCATCCT AGGAATAGGT ACAGCTATAT ACTTAGAAGA ATATGCGAAA	5220
	AACAACAAAT TTA CTAGTT TGT TAAAATC AGTATTTCCA ATTTAGCTGG TGTACCATCA	5280
30	GTTGTATTTG GGTATTAGG TTATACTTTG TTCGTTGGTG GTGCAGGGAT TGAAGCCTTG	5340
	AAAATGGGTA ACAGTATATT GGCAGCAGCG CTAACAATGA CCTTACTGAT ATTACCAATT	5400
	ATTATTGITT CAAGTCAGGA AGCAATTAGA GCTGTACCTA ACTCAGTACG CGAACTTCTT	5460
35	ACGGCTTAGG TGCTAATAAA TGGCAAACGA TAAGACGTGT TGTCTTACCA GCAGCGTTAC	5520
	CTGGTATTTT AACTGGATTC ATTTTGTCTC TTTCAAGAGC ACTGGGAGAA ACAGCGCCAC	5580
40	TTGTGCTAAT CGGTATACCG ACTATATTAT TGGCAACACC TAGAAGTATA TTGGATCAAT	5640
	TTTCAGCATT ACCTATCCAA ATATTTACTT GGGCGAAAAT GCCTCAAGAA GAATTCCAGA	5700
	ATGTTGCATC GGCAGGCATT ATCGTTTTAC TAGTTATCTT AATCTTAATG AATGGCGTTG	5760
45	CGATTATTTT ACGTAACAAA TTTAGTAAAA AATTCTAATT TAAACAATCA ATCTCATTTA	5820
	TCTATTAAAA AGGGAGTTTT AAATATGGCG CAAACACTTG CACAAACTAA ACAAATATCT	5880
	CAAAGTCATA CGTTTGATGT CTCACAAAGT CATCATAAAA CACCAGATGA TACAACTCA	5940
50	CATTCTGTTA TATATTCAAC ACAAATTTA GACTTATGGT ATGGCGAAAA TCATGCATTA	6000
	CAAAATATTA ATTTAGATAT TTATGAAAAC CAAATTACTG CCATTATAGG TCCATCTGGT	6060
55		

	AAAACAGCTG GTAAAAATATT ATATCGAGAT CAAGACATTT TTGATCAAAA ATATTCTAAA	6180
	GAACAATTAC GTACAAATGT GGGCATGGTC TTCAACAAC CTAATCCATT TCCAAAATCA	6240
5	ATATACGATA ATATTACTTA CGGTCCAAAG ATTCACGGTA TTAATAATAA AAAAGTTCTT	6300
	GATGAAATCG TTGAGAAATC ATTACGTGGC GCTGCAATTT GGGATGAATT AAAGGATAGG	6360
	TtGCACACAA ATGCATATAG TTTATCCGGT GGGCAACAAC AACGTGTTTG TATCGCGCGT	6420
10	TGTTTAGCAA TTGAACCTGA AGTCATTTTA ATGGATGAAC CGACATCAGC ATTAGATCCA	6480
	ATCTCAACAT TAAGAGTAGA AGAGTTGGTT CAAGAATAA AAGAAAAGTA TACAATTATT	6540
	ATGGTtACAC ATAATATGCA ACAAGCAGCT CGTGTATCAG ATAAACTGC ATTTTCTTA	6600
15	AATGGTTATG TCAATGAATA TGATGATACT GATAAAATTT TCTCTAACCC ATCAAACAAG	6660
	AAAACAGAAG ATTATATTTT AGGAAGGTTT GGTGATATA TAATGGCAAT AATTAGACAA	6720
	CGATATCAGG AGCAACTTGA TGATTTAATA AAAGAATTAC GTCGGTTAGG TGCaAATGTC	6780
20	TATGTGAGTA TTGaAAATGG TATAAAATCA TTAAGTATTG aCGATAGAGG cTTTGACGA	6840
	CAAACAGTTA AAAACGATAA ACATATCAAT CAATTAAAT ATGATATTAA TGAGCGAGTT	6900
25	ATCATGTTAA TTACAAAGCA ACAGCCCAT TCGAGTGATT TCGGTATGAT GATTTCTTCA	6960
	TTAAAAATCG CCTCCGATTT AGAAAGAATA GGAGATAATG CCTCGAGTAT TGCCAATATT	7020
	CGATTGCGTA CAAAGATTAC AGATGATTAT GTGTTAACCC GTTTAAAGAC AATGGGTAAA	7080
30	TTAGCTATGT TAATGTTAAA GGAAGTATAGT CAAGCATTTA AAAAGAAAGA TACCGTATTA	7140
	ATAAGAGAAA TAATTGAGCG TGATGAAGAT ATCGATGACT TATATAGTCA TATTATTAAC	7200
	GCAACGTATC TTATTGATAA CGtCCATTTG TCGCTGCACA AGCTCATTTA GCAGCAAGAC	7260
35	ATTTAGAACG TATTGGTGAT CATATTATTA ACATCGCTGA AAGTGTTTAT TTTTATTTAA	7320
	CAGGTACACA TTACGAACAA TAACTTAAAG TTATTACTAT AAAATCCCTT ACGATAAATA	7380
	TATATTTCTA TTATTCATAA ACCCTCAAAA AAACCAAGAT TCTCACAATT AGTAATGTGA	7440
40	AAATCTTGGT TTATATTGTT CTACTATAAA TTGTCTCGCA TCTTAGTTAT TTGCTTGCTC	7500
	AAATTCATCT GTTAATTTTT CAACTTCATC GACTAAATCA GAAATATATT GAATTGTAGA	7560
45	TTTAAGTGGC TGTCTGTAG TAATGTCTAC ACCTGCAATG TTTGCAAGTT CGACAGGTGA	7620
	TACACTACCA CCTTTTTTCA ATGTTTCTAA CCAAGCATCA ACAGCTGGTT GGCCTTCATT	7680
	TTTAATCTTT TGAGAAACGA CAGTTCCGAT TGTTAAGCCA GCAGAATACG TATACGAATA	7740
50	TAATCCCATa TAGTAATGAG GTTGACGCAT CCATGTTAAT TCAGCACCCCT CAGTCATGTC	7800
	TACTGCATCT CCAAAAAATT GTTTATAAAC ATTTAGCATT ATTTCAITTA ATGTnCGGCG	7860
55		

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 162:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 798 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 162:

TTTTTCTTT TCTTCATTG AAAATTGATC ATTCAGCAAT ATAAGCGTAT TTGTTAATGA 60
 TTTAGGTGTT CCAATTTTCAT AATCCCACCA ATTTAAGTTG GTATTCTTGC CAGTTGTTTT 120
 AGTAAAATTC TCACTTAATT CTTTACTTT TTTATCTGGT TCTTTTCCAT ATGCATTTTT 180
 ATGCAGCCAC TCAAGGGCAT CTTTCACTTT CTTCTTATTT TCGTCAGTAT TTAAAGTGGT 240
 TTTAGGATTC CTCATCGCTT CTGCGATTTT CTCAATATTA CGATAGGTAC GAGTCATATG 300
 AGAAGAATTA GTTTC AAGGG TTTCCGCTCC TGACCACAAG TATTTCCCTAC CACTTTCAGT 360
 TTTCAATTTCC TTGAGTAAAT TCGTCGCCTC TTTCTCTGTA GCATCAAAC TCTTCTTCAT 420
 ATCTGGATTA TTCTCATCAT ACTTATCATA ACCATAGTTA ACGTCCAGCC ATGTGTTTCT 480
 CAATTTTTC TAATCTGGCG TTTGAACATT CGTATCAGCC ACAGCGATTGATGTTTATC 540
 AACACTTCTG AATTCACCAC CATTCAAAGT AATCACACCA GCCATTAATA ACGTAATGGT 600
 GGATAATTTT TGCCATTTCT TTATTCTATA TGTCAATGAC ATGTCTCCTT TTTGTGTTGC 660
 GCGTGCGCAA TGAATATTAT GATTAAATAA TGATTCAATT TTTCAAATTT CGTTAACGTA 720
 TACAAATGAC TGTCTACTGT CAAACAATCC ACAAAGAATG TTGATGtCAT ATaACAATC 780
 GATCACCCAA ATTTTCCG 798

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 163:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 5132 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 163:

TACAGGTTTT ACTATAATGG ATGGTATTTT GGCTAAACGA CATTGGTTTA GTCTTCTTTT 60
 TTThACTTCC TAaATTTCACA ATGGTATAAA TAATAATGCT ATATTTAGAA TGATGAGTAT 120
 ACTTACTGAA ACTAAATTAA AAGTGTCTGG TTCTTTACTA AAGATAGCTG CTATCCTTGC 180

	AATACAAGTT CCAATGAGCG CAATTAAAAG TACTAACCCA ACGATGAAAC TCTGTTTGTC	300
	ACTTAACTCA AAGAACTAT AGATAGGATA TTTTAAATA ATCAAGCCAC CTAAAATCAT	360
5	CCATAAAAAT ACGATAATTC CATAAGTCAC ATTTATAACA TACGTTATTT TTTGGTCACC	420
	AAATCGGACT AATGTATTTT GTAGAATCAG CATACCAATG ACAACACCTA AAATAACGAT	480
	ACTAGCTATA TAAAGTAAAA ATGCAATTGT CACATCAAAT GTACCCAAAT CTAAAAACCT	540
10	AGGAATTAYa AyGACTGCTA AAATAAAAGC GAAGYACAAA GTAATATAKT TATACAAACC	600
	GGTAGTAAGA CTTATCTCAG GTGATAATTG ATCAGCCATT GACTTAATCG GTGTATTAAT	660
	AATTGAACTT GTATCTTCGT TATTTTTTTC AGCCATAGTT AAATGATCTT CGAGCTCTTC	720
15	CAATAACTCT TCTACTTCTG CTTTCAGTCTT ACCTCTAAAT AACAAATCAA CACGTAATTT	780
	TTCTAAAAAA TCTTGAGATT GTTTACTTAA CATCGTTTTT CCCTCCAAAC AAGTTAATCA	840
20	TCCCTTTATT CAAAACCTGC CATTTTCGATT TAAATACCTT TAGTTCCTTT AACCTGAAT	900
	CGGTAATCGT ATAGTATTTT CGCCTCGGGC CGCCATTACT AGATTTTTTT ATTGTCGTAT	960
	CAACGTATCC TTTTTTGTTT AAACGCATTA AAACTGGATA AATACTACCC TCACTTATCT	1020
25	CTGGAAACTC TTGATTCTTA AGTTTCGTCA TAATTTTATA TCCATACGTT TCGCCTTGGG	1080
	CAATGAGACC TAATATCGCC CCATCTAAGA GACCTTTCAT AATCTGATCT GACACTGACA	1140
	TTTTAATCAC CTAATATCTT ACATAATAAG ATAGTACATT GAGAACTTTT CGTCAACTAT	1200
30	CTTTTATTGT AAGGTAGTTG TTGTACACAT TCCTTAAATG ACTAACAACT TTGTTAATAG	1260
	GGTAATACTT ACGGAAGTAT ATTTTATTTA TGGGGGAGGA ATTAATAATG ACTACAAAAA	1320
	CAGTATTTGA TGTCAATGAT ATGGGGTTAG GATATTTAGT AAATGTGTAT GATGCTTGGG	1380
35	AAGTTGAAAA GGTACTTGAT GATTATCATA AGCCTTTTTT TAATACCATT CATTGGCAAT	1440
	TTGGCATGT ATTAACAATT TTTGAATCGG CCTTAGCTGT TGCTGGTAAA GAGAATATTG	1500
	ATTTAAATAT CTATAGACCT TTATTCGGAA ATGGTTCGTC TCCAGATGAA TGGGAAGGATG	1560
40	AAGTACCGAG TATTGAAAGG ATTTTAGAAG GTCTCCAAAC TTTACCTGAA CGTGCACGAA	1620
	ATCTAACTGA AGATGATTTA GCAATTGAAT TGAAACAGCC AATTGTCCGT TGTAAATACT	1680
45	TAGAAGAGTT ATTAGTATTA AATGCCATTC ACATCCCACT TCATGCTGGT AAAATTGAAG	1740
	AGATGTCTCG TATATTAAAA AATTTAAAAT AAATATGTGC TTATTAACCG TTAACAACAC	1800
	GTAAACGGgT TTTTATTTG TTTAAAAGGT CACTTTTTTG AATTTAATAA ACACCATCTA	1860
50	TACCAGTTCT TCACCGATTC TCGAAAAATA ATTATATTAA TGATTTTCGT AATTTAATTT	1920
	TATATTTAAT TATTACTGTA CATCTTTTGT AGTTAGCTTT ATTCTTAAAT TGAAATATGT	1980
55		

	TACTCCCTAT CGTTGTAGGT CTCCTTATTT GGGCACTTAC ACCTTTTAAA CCGGATGCTG	2100
	TGGATCCAAC AGCATGGTAT ATGTTGCGAA TATTCGTGCG GACAATCATT GCTTGTATTA	2160
5	CACAACCGAT GCCAATTGGG GCCGTCTCTA TAATTGGATT TACAATCATG GTACTCGTTG	2220
	GCATTGTGA CATGAAAACG GCTGTCGCTG GTTTTGGTAA TAATAGCATT TGGTTAATTG	2280
	CTATGGCATT TTTCATTTCTG AGAGGATTTG TGAAAACAGG TCTTGGTAGA CGTATCGCAC	2340
10	TTCATTTCTG CAAATTATTT GGTAAAAAAA CATTAGGATT AGCATATTCT ATCGTCGGTG	2400
	TAGATTTAAT TCTAGCGCCT GCTACACCAA GTAATACCGC GCGTGCTGGT GGAATCATGT	2460
	TCCCAATTAT CAAATCACTT TCTGAATCAT TTGGTTCGAA ACCGAAAGAC GGATCAGCAC	2520
15	GCAAAATGGG TGCAATTTCTT GTTTTCACAG AATTCCAAGG TAATTTAATT ACTGCGGCTA	2580
	TGTTTTTAAC TGCAATGGCC GGTAACCCCC TTGCACAAAA TTTAGCATCT AGCACATCTA	2640
20	ATGTTACAT TACATGGATG AATGGTTTC TAGCTGCTTT AGTTCCTGGA CTGTTTCCT	2700
	TAATTGTGT ACCTTTTATT ATTTATAAAA TTTATCCACC AACTGTATAA GAAACACCAA	2760
	ATGCTAAGAG TTGGGCTGAA AATGAATTAG CGACTATGGG TAAAATCGCT TTAGCTGAAA	2820
25	AATTTATGAT TGGTATTTTT GTCGTTGCGT TAACACTATG GATTGTGCGA AGTTTCATT	2880
	ATATTGATGC AACTTTAAGC GCCTTTATTG CGCTAgcATT gTTATTATTG ACAGGCGTCT	2940
	TAACATGGCA AGACATTTTA AACGAAACAG GTGCTTGGA CACATTAGTA TGGTTCTCAG	3000
30	TATTAGTGT AATGGCCGAC CAATTAAACA AGCTTGGATT TATTCCTTGG TTAAGTAAAT	3060
	CCATTGCTAC AAGTCTTGGT GGCTTAAGCT GGCCTATAGT CCTGGTCATT TTAATATTGT	3120
	TCTACTTCTA TTCACATTAC TTATTTGCAA GTTCTACAGC ACATATCAGT GCGATGTATG	3180
35	CAGCATTACT AGCGTTGCC ATCGCAGCCG GTGCACCACC ATTATTCAGT GCATTAATGT	3240
	TAGGTTTCTT CGGTAACCTA TTAGCTTCAA CAACACACTA TAGTAGTGGT CCAGCGCCGA	3300
40	TTCTATTCTC TTCAGTTTAC GTGACTCAAA AACGTTGGTG GACAATGAAC TTAATATTAG	3360
	GTTTCGTCTA CTTTATTATC TGGATTGGTT TAGGATCACT TTGGATGAAA GTAATTGGTA	3420
	TATTTTAAAA TATTTAAATT AGCGCTCGAA TCTCATTGAT TTGGGCGCTT TTTAATTTGT	3480
45	ATTTAAAATC AACCTTTGCT AAATCAAGAC TCCCTTTTAA AAATACGTTT ATCCTTTAAA	3540
	TCATTGCGTG CTTCACTGAA AATTTGTATA AAGATTTAAG TCATTACGTA ACATCACATA	3600
	AAATACATTT CTATACTATT CCGCTTCATT GATTAACTT ACGTATGCCC TCATAAATCA	3660
50	TCATACAAAA AACACCTTCG TTTAAATTCA TTTTAATTGC GAATTCAACG AAAGTGCCTT	3720
	ATTTCAIATT TAATGTTTCA AATTTATACG TCTGTCACTG TTAGTGCACA CATACCTCAG	3780
55		

TTATAGGGTT TTTGCGACCG GATGTTTCTT CAATTTAATG TATTGAGAAA GACTATATAA 3900
 CACAATACCT GTCCAAATAA ATATAAACGT AATTAATTGA TCTATACTAA AAGGCTCTTT 3960
 5 GAAACAAAT ATGCCGAGTA CAAACATTAT TGTGGTCCA ACGTATTGAA TAAATCCTAT 4020
 TAGCGAAAGT GGAATACGTT TTGCCCCGGC TGAGAATAGG ATTAGTGGTA TTGCCGTAAT 4080
 AGCACCAGAA AATAACAACC AAAATGATGA CATGTTCAAT CCAAATGACA TCTGATGTTG 4140
 10 CTGCCATAAA TAAATAACGT ATATTAGTCC AGCAGGTGCG GTAACAATAC ATTCAATCGT 4200
 AATACTGCTG ATGGCATCAA TATGTACTAC TTTTTCAT AATCCGTATG TACCAAAGGA 4260
 TAACGCTAAT ATAATAGAGA CGATTGGGAA TTCTCCAATC TTGAGCGTCA TATATAATAC 4320
 15 ACCGATGAAT GCGAATAAAA TGGCTAGCCA TTCAAATTTA TTGAATCTTT CTTTTAAAAA 4380
 GATAAGTGCG AGCAAAATGC TAACAAGTGG ATTTATATAA TAACCTAAAC TTGTTGTAG 4440
 20 GACGTGACCG TTCGTTACAG CCCAAATAAA TGTACCCCAA TTTAATGTAA TGACATAGCC 4500
 TGCTACGACA ATCGCTAATA GCTGAATGGG CTTGCCTAAC AATTGATTCA TATCTCGTTG 4560
 AAATGCATTG CGTTGTTTTT GTCCAACCGC GAGTATGAAA ATCATGAATA TTGCTGAAAA 4620
 25 TATAATACGA AAGGCTAAAA TTTCAAATGC GCCTATTGCA TCAACGAACT GCCAATATAT 4680
 AGGTAGTATT CCCACAGAA TGTATGCACT GAGTGCTAAA AATATGCCTT TTTTATACTC 4740
 TGAATTCACC TTCAAACCTC CTTACTTTCC TAATTTTTAA TTTACTGCAT ACGCTCACTT 4800
 30 GGTATGCTA ATATAACGAT TTTACTAATA ATATTTGAT AAAGATATCA TTTTGTTTAT 4860
 ATTTCCACA TTTATTCACC AACCCTAAA CAATATTAAT TTTATAAATA ATTCTGTACA 4920
 AATCAGGTA TATTGCCAGA AAGACTACCA TACAACATAA AGGATGGATA CAAATGACTT 4980
 35 TACCTAAAAT TGGAAAGCCT GCAACACGCG CGCTAAATC ACAAGGTATA TACACATTAG 5040
 AAGCAGTATC ACAATATACG AAGTCATCTC TAATGGAGAT GCATGGCGTT GGTCTAAAG 5100
 CTATATCAAT ATTGGAACAA GCTTTATTTT AG 5132

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 164:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 22243 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 164:

AAGTAAATTA TATTATGAAT TTGCCTGTCA ATTTCTTAAA GACATTCTTA CCGGAACATA 60

	TAGAAGCAAT TAATAATGCy mAAGAAAAGA CAGCTAATAA TACCGGCTTA AAATTAATAT	180
	TTGCAATTAA TTATGGTGGC AGAGCAGAAC TTGTTCATAG TATTAAAAAT ATGTTTGACG	240
5	AGCTTCATCA ACAAGGTTTA AATAGTGATA TCATAGATGA AACATATATA AACAATCATT	300
	TAATGACAAA AGACTATCCT GATCCAGAGT TGTAAATTCG TACTTCAGGA GAACAAAGAA	360
	TAAGTAATTT CTTGATTGG CAAGTTTCGT ATAGTGAATT TATCTTTAAT CAAAAATTAT	420
10	GGCCTGACTT TGACGAAGAT GAATTAATTA AATGTATAAA AATTTATCAG TCACGTCAA	480
	GACGCTTTGG CGGATTGAGT GAGGACTAGT ATAGTATGAA AGTTAGAACG CTGACAGCTA	540
15	TTATTGCCIT AATCGTATTC TTGCCTATCT TGTAAAAGG CGGCCTTG TG TTAATGATAT	600
	TTGCTAATAT ATTAGCATTG ATTGCATTAA AAGAATTGTT GAATATGAAT ATGATTAAAT	660
	TTGTTTCAGT TCCTGGTTTA ATTAGTGCAG TTGGTCTTAT CATCATTATG TTGCCACAAC	720
20	ATGCAGGGCC ATGGGTACAA GTAATTCAAT TAAAAAGTTT AATTGCAATG AGCTTTATTG	780
	TATTAAGTTA TACTGTCTTA TCTAAAAACA GATTTAGTTT TATGGATGCT GCATTTTGCT	840
	TAATGTCTGT GGCTTATGTA GGCATTGGTT TTATGTTCTT TTATGAAACG AGATCAGAAG	900
25	GATTACATTA CATATTATAT GCCTTTTAA TTGTTTGCT TACAGATACA GGGGCTTACT	960
	TGTTTGTTAA AATGATGGGT AAACATAAGC TTTGGCCAGT AATAAGTCCG AATAAAACAA	1020
	TCGAAGGATT CATAGGTGGC TTGTTCTGTA GTTTGATAGT ACCACTTGCA ATGTTATATT	1080
30	TTGTAGATTT CAATATGAAT GTATGGATAT TACTTGGAGT GACATTGATT TTAAGTTTAT	1140
	TTGGTCAATT AGGTGATTTA GTGGAATCAG GATTAAAGCG TCATTTCCGC GTTAAAGACT	1200
	CAGGTCGAAT ACTACCTGGA CACGGTGGTA TTTAGACCG ATTTGACAGC TTTATGTTTG	1260
35	TGTTACCATT ATTAAATATT TTATTAATAC AATCTTAATG CTGAGAACAA ATCAATAAAC	1320
	GTAAGAGGA GTTGCTGAGA TAATTTAATG AATCTCAGAA CTCCTTTTGA AAATTATACC	1380
	CAATATTAAC TTTGAAAATT ATACGCAATA TTAACTTTGA AAATTAGACG TTATATTTTG	1440
40	TGATTTGTCA GTATCATATT ATAATGACTT ATGTTACGTA TACAGCAATC ATTTTAAAA	1500
	TAAAAGAAAT TTATAACAA TCGAGGTGTA GCGAGTGAGC TATTTAGTTA CAATAATTGC	1560
45	ATTTATTATT GTTTTTGGTG TACTAGTAAC TGTTTCATGAA TATGGCCATA TGTTTTTTCG	1620
	GAAAAGAGCA GGCATTATGT GTCCAGAATT TGCGATCGGT ATGGGGCCAA AAATTTTTAG	1680
	TTTTAGAAAA AATGAAACAC TTTACACTAT TAGGTTATTG CCTGTTGGTG GATATGTTTCG	1740
50	TATGGCAGGA GATGGCTTAG AAGAGCCACC AGTCGAGCCC GGTATGAACG TTAAAATTAA	1800
	ACTTAATGAA GAAATGAAA TAACACATAT CATATTAGAT GATCATCATA AGTTTCAACA	1860
55		

	CACTGCTTAT GATAATGAAA GACATCATTT TAAAATTGCT AGAAAGTCTT TCTTTGTTGA	1980
	AAATGGTAGC TTAGTTCAAA TTGCTCCGAG AGACAGACAA TTTGCACATA AAAAGCCATG	2040
5	GCCGAAATTT TTAACATTAT TTGCGGGACC GTTATTTAAC TTTATATTAG CTTTAGTCCT	2100
	ATTTATTGGT CTGTCATATT ATCaAGGcAC GCcTACGTCT ACTGTAGAAC AAGTCGCAGA	2160
	TAAGTATCCA GCTCAACAAG CAGGATTACA AAAAGGTGAT AAGATCGTCC AAATTGGCAA	2220
10	ATATAAAATA TCTGAATTTG ATGATGTTGA TAAGGCGTTA GATAAAGTTA AAGATAATAA	2280
	GACGACTGTT AAATTTGAAC GTGATGGTAA AACAAAGTCA GTTGAATTAA CACCTAAAAA	2340
	GACTGAAAAA AAAGTACTA AAGTAAGTTC AGAGACGAAG TATGTTCTCG GATTCCAACC	2400
15	AGCGAGTGAA CATACACTTT TTAACCAAT TGTATTCGGA TTTAAAAGCT TTTTAATCGG	2460
	TAGTACTTAT ATTTTACAG CTGTAGTAGG TATGTTGGCT AGTATATTTA CGGGCGGATT	2520
20	CTCATTTGAT ATGTTAAATG GTCCGGTTGG TATTTATCAT AACGTCGACT CAGTTGTAA	2580
	AGCGGGTATC ATTAGCTTAA TTGGTtncAC TGCGTTATTA AGTGTAACCT TAGGTATTAT	2640
	GAATTTAATT CCTATTCTCG CACTAGACGG TGGTCGTATT TTATTTGTTA TATATGAAGC	2700
25	GATTTTCAGA AAACCAGTTA ATAAAAAGC GGAAACAACG ATTATTGCTA TTGGTGCCAT	2760
	TTTCATGGTC GTTATAATGA TATTAGTAAC GTGGAATGAT ATTCGACGAT ATTTCTTATA	2820
	ATTTAGGAGG ATAAATAATT ATGAAGCAAT CCAAAGTTTT TATACCAACG ATGCGTGACG	2880
30	TGCCATCAGA AGCAGAAGCA CAAAGTCATC GTTTATTATT GAAATCGGGT TTGATAAAAC	2940
	AAAGTACAAG TGGGATTTAT AGTTATTTAC CGCTAGCAAC ACGTGTGTTA AATAATATTA	3000
	CTGCAATTGT GCGACAAGAA ATGGAACGTA TCGATTCTGT TGAAATTTTA ATGCCAGCGT	3060
35	TACAACAAGC TGAATTATGG GAAGAATCAG GACGTTGGGG TGCATATGGC CCAGAATTAA	3120
	TGCGTTTACA AGATAGaCAT GGAAGACAAT TTgCATTAGG TCCaACACAT GAAGAATTAG	3180
40	TTACATCAAT AGTAAGAAAT GAATTGAAAT CATACAAACA ATTACCGATG ACATTATTCC	3240
	aAATTCAATC TAAATTCCGT GATGAAAAGA GACCACGTTT TGGTTTAYTC GTGGGCGTGA	3300
	ATTTATTATG AAAGATGCAT ATTCATTCCA TGCTGACGAG GCATCATTAG ATCAAACGTA	3360
45	TCAAGATATG TATCAAGCGT ATAGCCGTAT TTTTGAGAGA GTTGGCATTa ACGCAAGACC	3420
	AGTAGTTGCA GATTCAGGTG CTATAGGCGG TAGCCATaCA CATGAATTTA TGGCATTAAg	3480
	TGCTATCGGT GAGGATACAA TCGTTTACAG TAAAGAAAGT GATTATGCTG CTAACATCGA	3540
50	AAAAGCAGAA GTCGTTTACG ArcCAaATcA TaAGCATACT ACTGTGCAAC CTTTAGAAAA	3600
	AATTGAAACA CCAAATGTTA AGACTGCGCA AGAATTGGCA GACTTCTTAG GTAGACCAGT	3660

55

EP 0 786 519 A2

	GCGTGGCCAT CATGAAATTA ATGACATTAA ATTAAAATCT TATTTGCGCA CAGATAATAT	3780
	TGAATTAGCA ACACAAGACG AAATTGTTAA TTTAGTTGGT GCAAATCCTG GTTCACTAGG	3840
5	TCCTGTAATT GATAAAGAAA TCAAAATTTA TGCAGATAAT TTTGTGCAAG ATTTAAATAA	3900
	TTTAGTTGTC GGTGCTAACG AAGATGGTTA TCACTTAATT AATGTAAATG TAGGTAGAGA	3960
	CTTCAACGTT GATGAATATG GCGATTTCGG TTTATTTTGA GAAGGCGAAA AGTTAAGTGA	4020
10	TGGTTCAGGC GTTGCCACATT TTGCTGAAGG TATTGAAGTT GGTCAAGTAT TCAAATTGGG	4080
	TACTAAGTAT TCAGAATCAA TGAATGCTAC ATTCTTAGAT AACCAAGGAA AAGCTCAATC	4140
	TTTAATTATG GGTGTTACG GAATTGGAAT TTCTAGAACG CTAAGTGCGA TTGTTGAACA	4200
15	AAATCACGAT GATAATGGAA TTGTTTGGCC TAAATCAGTT ACTCCGTTTG ATTTACATTT	4260
	AATTTCTATT AATCCTAAGA AAGATGATCA ACGAGAACTA GCAGATGCAC TATATGCTGA	4320
	ATTTAATACT AAATTTGATG TGTTGTACGA TGATCGTCAG GAACGTGCAG GTGTTAAATT	4380
20	TAATGATGCC GATTTAATTG GTTTACCACT GCGAATTGTT GTTGGTAAAC GTGCATCGGA	4440
	AGGTATTGTA GAAGTTAAAG AACGTTTAAAC AGGTGATAGC GAAGAAGTTC ACATTGATGA	4500
25	CTTAATGACT GTCATTACAA ATAAATATGA TAACTTAAAA TAATTAAGAT CGAATGAATT	4560
	ATAAGAGTAG GAAAAAGCTG AAAGAAATCT GATGCTTATG TCCTGCTCTT ATTATTTTTG	4620
	ATATAATGAT TATTCGATGA AAAATGACTG AAGACATAGT ATAATTAAAG ATAAATTTGT	4680
30	TTTAACAATA TAATGATTAG CCAATATATA AGCATTTAAT TTTCTATCAT TACTATGCTC	4740
	ACATAATCTA AATATTGTTT GAACACGTAA AAGTAATTTT TATTTAAGGT GGTAATTGTC	4800
	TTGGCAATGA CAGAGCAACA AAAATTTAAA GTGCTTGCTG ATCAAATTAA AATTTCAAAT	4860
35	CAATTAGATG CTGAAATTTT AAATTCAGGT GAACTGACAC GTATAGATGT TTCTAACAAA	4920
	AACAGAACAT GGAATTTTCA TATTACATTA CCACAATTCT TAGCTCATGA AGATTATTTA	4980
	TTATTTATAA ATGCAATAGA GCAAGAGTTT AAAGATATCG CCAACGTTAC ATGTCGTTTT	5040
40	ACGGTAACAA ATGGCACGAA TCAAGATGAA CATGCAATTA AATACTTTGG GCACTGTATT	5100
	GACCAAACAG CTTTATCTCC AAAAGTTAAA GGTCAATTGA AACAGAAAAA GCTTATTATG	5160
	TCTGGAAAAG TATTAAAAGT AATGGTATCA AATGACATTG AACGTAATCA TTTTGATAAG	5220
45	GCATGTAATG GAAGTCTTAT CAAAGCGTTT AGAAATTGTG GTTTTGATAT CGATAAAATC	5280
	ATATTCGAAA CAAATGATAA TGATCAAGAA CAAAACCTAG CTTCTTTAGA AgCACaTATT	5340
50	CAAGAAGAAG ACGAACAAAG TGCACGATTG GCAACAGAGA AACTTGAAAA AATGAAAGCT	5400
	GAAAAAGCGA AACACAAGA TAACAACGAA AGTGCTGTCG ATAAGTGTCa AATTGGTAAG	5460

55

	GCAATAGAGG GTGTCAITTT TGATATAAAC TTAAAAGAAC TTAAAAGTGG TCGCCATATC	5580
	GTAGAAATTA AAGTGACTGA CTATACGGAC TCTTTAGTTT TAAAAATGTT TACTCGTAAA	5640
5	AACAAAGATG ATTTAGAACA TTTTAAAGCG CTAAGTGTTG GTAAATGGGT TAGGGCTCAA	5700
	GGTCGTATTG AAGAAGATAC ATTTATTAGA GATTTAGTTA TGATGATGTC TGATATTGAA	5760
	GAGATTAAAA AAGCGACAAA AAAAGATAAG GCTGAAGAAA AGCGTGTTAG ATTCCACTTG	5820
10	CATACTGCAA TGAGCCAAAT GGATGGTATA CCCAATATTG GTGCGTATGT TAAACAGGCA	5880
	GCAGACTGGG GACATCCAGC CATTGCGGTT ACAGACCATA ATGTTGTGCA AGCATTTCCTA	5940
	GATGCTCACG CAGCAGCGGA AAAACATGGC ATTAAAAATGA TATACGGTAT GGAAGGTATG	6000
15	TTAGTTGATG ATGGTGTTC GATTGCATAC AAACCACAAG ATGTCGTATT AAAAGATGCT	6060
	ACTTATGTTG TGTTCCAGCT TGAGACAACT GGTTCATCAA ATCAGTATGA TAAATCATC	6120
	GAGCTTGACG CTGTGAAAGT TCATAACGGT GAAATCATCG ATAAGTTTGA AAGGTTTAGT	6180
20	AATCCGCATG AACGATTATC GGAAACGATT ATCAATTTGA CGCATATTAC TGATGATATG	6240
	TTAGTAGATG CCCCTGAGAT TGAAGAAGTA CTTACAGAGT TTAAAGAATG GGTGGCGAT	6300
25	GCGATATTCG TAGCGCATAA TGCTTCGTTT GATATGGGCT TCATCGATAC GGGATATGAA	6360
	CGTCTTGGGT TTGGACCATC AACGAATGGT GTTATCGATA CTTTAGAATT ATCTCGTACG	6420
	ATTAATACTG AATATGGTAA ACATGGTTTG AATTTCTTGG CTAAAAAATA TGGCGTAGAA	6480
30	TTAACGCAAC ATCACCCTGC CATTTATGAT ACAGAAGCAA CAGCTTACAT TTTCATAAAA	6540
	ATGGTTCAAC AAATGAAAGA ATTAGGCGTA TTAAATCATA ACGAAATCAA CAAAAAATC	6600
	AGTAATGAAG ATGCATATAA ACGTGCAAGA CCTAGTCATG TCACATTAAT TGTACAAAAC	6660
35	CAACAAGGTC TTAAAPATCT ATTTAAATTT GTAAGTGCAT CATTGGTGAA GTATTTCTAC	6720
	CGTAACCTC GAATTCACG TTCATTGTTA GATGAATATC GTGAGGGATT ATTGGTAGGT	6780
	ACAGCGTGTG ATGAAGGTGA ATTATTTACG GCAGTTATGC AGAAGGACCA GAGTCAAGTT	6840
40	GAAAAAATTG CCAAATATTA TGATTTTATT GAAATTCAC CACCGGCACT TTATCAAGAT	6900
	TTAATTGATA GAGAGCTTAT TAGAGATACT GAAACATTAC ATGAAATTTA TCAACGTTA	6960
45	ATACATGCAG GTGACACAGC GGGTATACCT GTTATTGCGA CAGGAAATGC AACTATTTG	7020
	TTTGAACATG ATGGTATCGC ACGTAAATTT TTAATAGCAT CACAACCCGG CAATCCACTT	7080
	AATCGCTCAA CTTTACCGGA AGCACATTTT AGAACTACAG ATGAAATGTT AAACGAGTTT	7140
50	CATTTTTTAG GTGAAGAAAA AGCGCATGAA ATTGTTGTGA AAAATACAAA CGAATTAGCA	7200
	GATCGAATTG AACGTGTTGT TCCTATTAAA GATGAATTAT ACACACCGCG TATGGAAGGT	7260

55

	CTGCCTCAAA TCGTAATTGA TCGATTAGAA AAAGAATTAA AAAGTATTAT CGGTAATGGA	7380
	TTTGCGGTAA TTTACTTAAT TTCGCAACGT TTAGTTAAAA AATCATTAGA TGATGGATAC	7440
5	TTAGTTGGTT CCCGTGGTTC AGTAGGTTCT AGTTTTGTAG CGACAATGAC TGAGATTACT	7500
	GAAGTAAACC CGTTACCGCC ACACATATATT TGTCCGAACGT GTAAAACGAG TGAATTTTTC	7560
	AATGATGGTT CAGTAGGATC AGGATTGAT TTACCTGATA AGACGTGTGA AACTTGTGGA	7620
10	GCGCCACTTA TTAAAGAAGG ACAAGATATT CCGTTTGAAA CATTTTTAGG ATTTAAGGGA	7680
	GATAAAGTTC CTGATATCGA CTTAAACTTT AGTGGTGAAT ATCAACCGAA TGCCCATAAC	7740
	TACACAAAAG TATTATTGGG TGAGGATAAA GTATTCCGTG CAGGTACAAT TGGTACTGTT	7800
15	GCTGAAAAGA CTGCTTTTGG TTATGTAAAA GGTATTTTGA ATGATCAAGG TATCCACAAA	7860
	AGAGGTGCTG AAATAGATCG ACTCGTTAAA GGATGTACAG GTGTTAAACG TACAACCTGA	7920
20	CAGCATCCAG GGGGTATTAT TGTAGTACCT GATTACATGG ATATTTATGA TTTTACGCCG	7980
	ATACAATATC CTGCCGATGA TCAAAATTCA GCATGGATGA CGACACATTT TGATTTCCAT	8040
	TCTATTCATG ATAATGTATT AAAACTTGAT ATACTTGGAC ACGATGATCC AACAATGATT	8100
25	CGTATGCTTC AAGATTTATC AGGAATTGAT CCAAAAACAA TACCTGTAGA TGATAAAGAA	8160
	GTTATGCAGA TATTTAGTAC ACCTGAAAGT TTGGGTGTTA CTGAAGATGA AATTTTATGT	8220
	AAAACAGGTA CATTTGGGGT ACCAGAATTC GGTACAGGAT TCGTGCGTCA AATGTTAGAA	8280
30	GATACAAAGC CAACAACATT TTCTGAATTA GTTCAAATCT CAGGATTATC TCATGGTACA	8340
	GATGTGTGGT TAGGCAATGC TCAAGAATTA ATTAAAACCG GTATATGTGA TTTATCAAGT	8400
	GTAATTGGTT GTCGTGATGA TATCATGGTT TATTTAATGT ATGCTGGTTT AGAACCATCA	8460
35	ATGGCTTTTA AAATAATGGA GTCAGTACGT AAAGGTAAAG GTTTAACTGA AGAAATGATT	8520
	GAAAEGATGA AAGAAAATGA AGTGCCAGAT TGGTATTTAG ATTCATGTCT TAAAATTAAG	8580
	TACATGTGCC CTAAAGCCCA TGCAGCAGCA TACGTTTTAA TGGCAGTACG TATCGCATAT	8640
40	TTCAAAGTAC ATCATCCACT TTATTACTAT GCATCTTACT TTACAATTCG TGCCTCAGAC	8700
	TTTGATTTAA TCACGATGAT TAAAGATAAA ACAAGCATTG GAAATACTGT AAAAGACATG	8760
	TATTCTCGCT ATATGGATCT AGGTAAAAAA GAAAAAGACG TATTAACAGT CTTGGAAATT	8820
45	ATGAATGAAA TGGCGCATCG AGGTATCGA ATGCAACCGA TTAGTTTAGA AAAGAGTCAG	8880
	GCGTTCGAAT TTATCATTGA AGGCGATACA CTTATTCCGC CGTTCATATC AGTGCCTGGG	8940
50	CTTGGCGAAA ACGTTGCGAA ACGAATTGTT GAAGCTCGTG ACGATGGCCC ATTTTTATCA	9000
	AAAGAAGATT TAAACAAAAA AGCTGGATTA TCTCAGAAAA TTATTGAGTA TTTAGATGAG	9060

55

	GAAATAATCA AGGTATTTAT TTAATGCGTA TGGCGTAGTC AAAGAAATAC AAAATTGTTG	9180
	CTGGACACAA AATTATGCCC GTATTTCTTT TCAATGTCTT ACGAGTCTAT TCAAATGTAA	9240
5	TGGTGAAATA AAGGAACAAA CTTTTACAAG AATCTCTGAT TAATAGTGAA GTCATTGTGTT	9300
	TCAAGCATAA ACTTATGCTA TAATTAAGTT GCTTAAAAAT TAGTGAATC AGGCAGAAGA	9360
	GTGGGAGATT CCCGCTCTTT TCTATTTGCC AAAAAGGGAG GCCTGTATGA GTAAAATTAC	9420
10	AGAACAAGTA GAAGTGATTG TTAAACCAAT TATGGAAGAC TTGAATTTTG AACTTGTAGA	9480
	CGTTGAATAT GTCAAAGAGG GTAGAGATCA TTTTCTTAGA ATCTCTATTG ATAAAGAAGG	9540
	TGGCGTAGAT TTAAATGATT GTACGCTAGC TTCTGAAAAA ATAAGTGAAG CTATGGATGC	9600
15	AAATGATCCT ATTCCTGAAA TGTATTATTT AGACGTAGCG TCACCTGGTG CAGAACGTCC	9660
	AATTAAAAAA GAACAAGATT TCCAAAATGC AATAACTAAA CCTGTATTTG TTTCTTTATA	9720
20	TGTACCAATT GAAGGTGAAA AGGAATGGTT AGGCATTTTA CAAGAAGTCA ATAATGAAAC	9780
	AATTGTAGTA CAAGTTAAAA TCAAAGCAAG AACGAAAGAT ATAGAGATAC CGAGAGACAA	9840
	AATAGCAAAA GCACGTCACG CAGTTATGAT TTAACGTGAT GAGGAGGAAA AAACGTGTCA	9900
25	AGTAATGAAT TATTATTAGC TACTGAGTAT TTAGAAAAAG AAAAGAAGAT TCCTAGAGCA	9960
	GTATTAATTG ATGCTATTGA AGCAGCTTTA ATTACTGCAT ACAAAAAGAA TTATGATAGT	10020
	GCAAGAAATG TCCGTGTGGA ATTAAATATG GATCAAGGTA CTTTCAAAGT TATCGCTCGT	10080
30	AAAGATGTTG TTGAAGAAGT ATTTGACGAC AGAGATGAAG TGGATTTAAG TACAGCGCTT	10140
	GTAAAAACC CTGCATATGA AATTGGTGAT ATATACGAAG AAGATGTAAC ACCTAAAGAT	10200
	TTTGGTCGTG TAGGTGCTCA AGCAGCGAAA CAAGCAGTAA TGCAACGTCT TCGTGATGCT	10260
35	GAACGTGAAA TTTTATTTGA AGAATTTATA GACAAAGAAG AAGACATACT TACTGGAATT	10320
	ATTGACCGTG TTGACCATCG TTATGTATAT GTGAATTTAG GTCGTATCGA AGCTGTTTGA	10380
	TCTGAAGCAG AAAGAAGTCC TAACGAAAAA TATATTCCTA ACGAACGTAT CAAAGTATAT	10440
40	GTTAACAAAG TGGAACAAAC GACAAAAGGT CCTCAAATCT ATGTTTCTCG TAGCCATCCA	10500
	GGTTTATTAA AACGTTTATT TGAACAAGAA GTTCCAGAAA TTTACGATGG TACTGTAATT	10560
45	GTAAATCAG TAGCACGTGA AGCTGGCGAT CGCTCTAAAA TTAGTGTCTT CTCTGAAAAC	10620
	AATGATATAG ATGCTGTTGG TGCATGTGTT GGTGCTAAAG GCGCACGTGT TGAAGCTGTT	10680
	GTTGAAGAGC TAGGTGGTGA AAAAATCGAC ATCGTTCAAT GGAATGAAGA TCCAAAAGTA	10740
50	TTTGTA AAAA ATGCTTTAAG CCCTTCTCAA GTTTTAGAAG TTATTGTTGA TGAAACAAAT	10800
	CAATCTACAG TAGTTGTTGT TCCTGATTAT CAATTGTCAT TAGCGATTGG TAAAAGAGGA	10860

55

	GATGCGCGTG AAGCGGGTAT CTATCCAGTA GTTGAAGCTG AAAAAGTAAC TGAAGAAGAT	10980
	GTTGCTTTAG AAGATGCTGA CACAACAGAA TCAACCGAAG AGGTAAATGA TGTTCAGTT	11040
5	GAAACAAATG TAGAGAAAGA ATCTGAATAA TAGGTTGGAG TGAAGTATCT ATGAAAAAGA	11100
	AAAAAATTC GATGCGAAAA TGTATTCTTT CAAATGAAAT GCATCCCAA AAAGATATGA	11160
	TTCGTGTTGT TGTTAATAAA GAAGGCGAAA TCTTTGCGGA TGTTACTGGA AAGAAACAAG	11220
10	GCCGTGGCGC ATATGTTTCT AAAGATGTTG CTATGTTGA AAAAGCACAA CAAAAAGAAA	11280
	TTTTAGAAAA ATATTTTAAA GCATCTAAAG AGCAATTGGA TCCTGTTTAC AAAGAAATTA	11340
	TTAGATTAAAT TTATAGAGAA GAGATCCCAA AATGAGTATA GATCAAATAT TAACTTTTT	11400
15	AGGATTAGCA ATGAGAGCTG GTAAAGTAAA AACAGGTGAA TCAGTCATTG TTAATGAGAT	11460
	TAAAAAAGGA AATTGAAGC TCGTTATTGT TGCAAATGAT GCGTCTGATA ATACAGCTAA	11520
20	ATTAATTACA GATAAATGTA AGAGTTACAA AGTTCCATTC AGAAAGTTG GAAATCGAAA	11580
	TGAATTGGGA ATAGCACTTG GAAAAGGTGA GCGTGTTAAT GTAGGGATTA CTGACCCAGG	11640
	CTTTGCTAAA AAGTTGCTAT CAATGATAGA TGAATATCAT AAGGAGTGAT TATATGAGTA	11700
25	AACAAGAAT TTACGAATAT GCGAAAGAAT TAAATCTAAA GAGTAAAGAG ATTATAGATG	11760
	AGTTAAAAAG CATGAATATT GAGGTTTCAA ATCATATGCA AGCTTTGGAA GATGACCAA	11820
	TTAAAGCATT AGATAAAAAG TTCAAAAAG AACAAAAGAA CGACAATAAA CAAAGCACTC	11880
30	AAAATAATCA CCAAAAATCA AACAATCAAA ACCAAAATAA AGGGCmACAA AAAGATAACA	11940
	AAAAGAATcm ACAACAAAAT AATAAAGGCA ACAAAGGCAA TAAAAAGAAT AATAGAAATa	12000
	ATAAGAAAAA TAACAAGAAT AATAAACCAC AAAATCAACC AGCTGCTCCA AAAGAAATAC	12060
35	CATCAAAGT GACATATCAA GAAGGTATTA CAGTAGGCGA ATTTGCGGAT AAATTAAATG	12120
	TTGAATCATC AGAAATTATC AAAAAATTAT TCTTACTTGG TATTGTTGCT AATATCAATC	12180
	AATCATTAAA TCAAGAAACA ATCGAATTAA TTGCCGATGA TTATGGCGTT GAGGTTGAAG	12240
40	AAGAAGTTGT GATTAATGAA GAAGACTTAT CAATCTATTT CGAAGACGAA AAAGATGATC	12300
	CAGAGGCAAT TGAGAGACCA GCAGTTGTAA CAATTATGGG ACATGTTGAC CATGGTAAAA	12360
45	CGACTTTATT AGATTCAATT CGTCATACAA AAGTTACAGC AGGTGAAGCA GGCGGAATCA	12420
	CTCAACATAT TGGTGCATAT CAAATTGAAA ACGATGGCAA AAAAATCACT TTCTTAGATA	12480
	CACCGGGACA TGCTGCATTT ACAACGATGC GTGCGCGTGG TGCaCAAGTA ACAGATATTA	12540
50	CTATTTTAGT AGTAGCAGCT GACGATGGTG TTATGCCACA AACAATTGAA GCAATTAACC	12600
	ATGCTAAAAGA AGCagAAGTA CCAATTATTG TTGCAGTAAA TAAAATTGAT AAACCAACTT	12660

55

	GCGGCGAAAC AATTCTCGTC CACTTTCTGC ATTAAGTGGT GATGGTATCG ACGATTATT	12780
	AGAAATGATA GGATTAGTTG CAGAAGTTCA AGAACTTAAA GCAAATCCTA AAAACCGTGC	12840
5	TGTTGGTACA GTTATCGAAG CTGAATTAGA TAAATCACGT GGTCCTTCTG CATCATTATT	12900
	AGTACAAAAC GGTACATTAA ATGTTGGTGA TGCGATTGTA GTTGGTAATA CTTACGGCCG	12960
	TATCCGTGCA ATGGTTAATG ACTTAGGTCA AAGAATCAAA ACGGCTGGTC CATCAACGCC	13020
10	TGTTGAAATT ACAGGTATTA ATGATGTGCC ACAAGCTGGG GATCGCTTTG TTGTATTTAG	13080
	TGATGAAAAA CAAGCTCGTC GTATTGGTGA ATCAAGACAC GAAGCTAGCA TTATACAACA	13140
	ACGTCAAGAA AGTAAAAATG TTTCATTAGA TAACCTGTTT GAACAAATGA AACAAAGTGA	13200
15	AATGAAAGAT TTAACGTTA TTATTAAAGG TGATGTTCAA GGTTCTGTTG AAGCTTTAGC	13260
	TGCATCATTG ATGAAAATTG ATGTTGAAGG CGTAAATGTT CGTATCATTC ATACAGCGGT	13320
20	TGGTGCAATT AATGAGTCAG ACGTGACACT TGCTAATGCC TCAAATGGTA TTATCATTGG	13380
	TTTCAATGTT CGTCCAGACA GTGGTGCAAA ACGTGCTGCA GAAGCTGAAA ATGTTGATAT	13440
	GCGTTTACAC AGAGTTATTT ATAATGTTAT CGAAGAAATT GAATCAGCGA TGAAAGGTTT	13500
25	ACTTGATCCA GAATTTGAAG AACAAAGTTAT CGGACAAGCT GAAGTTCGTC AAACATTCAA	13560
	AGTTTCTAAA GTTGGTACTA TTGCTGGATG TTATGTTACT GAAGGTAAAA TTACGCGAAA	13620
	TGCTGGTGTA CGTATTATTC GTGATGGTAT TGTTCAATAT GAAGGCGAAT TAGATACACT	13680
30	TAAACGTTTC AAAGATGATG CTAAGGAAGT TGCAAAAGGT TATGAATGTG GTATTACAAY	13740
	TGAAAACCTAC AATGACCTTA AAGAAGGCGA TGTTATCGAA GCATTTGAAA TGGTTGAAAT	13800
	TAAGCGTTAA TTAAATAAAT TACAAGCTAA AAGTATAGTT AAGATTGATA TGCTCCCTAT	13860
35	AAATATTGCA CTTTTTAAGT GTCTACTTTA TAGGGAGCAT ATTTGATACT AGCTTTTGGT	13920
	TTTTATTAG AATAGATTAC CTATTAAAAG TTACGTTATA TGGACATGAT TTTGTATAAA	13980
	ATTTTGTGGT GGCCTAGAAT GATTTTTAAT GACAAAATAT AATGTCGACT ATTATTGGAA	14040
40	AATTTTCTGT TGAATGCCT ATCTTACGGC AAACTTTATT TGATTTTATA GGCTTAATTT	14100
	ATTAATAATA CGTGTGAGCT AAAATAATTG TTTAAGCATT GTTACACTAA AAAATGCAAA	14160
45	TAACAATTGA ACTTAAAGAT AAAGAGGTGA CAAGAATGAG CAGTATGAGA GCAGAGCGTG	14220
	TTGGTGAACA AATGAAGAAG GAATTAATGG ATATCATCAA CAATAAAGTC AAAGATCCTC	14280
	GAGTTGGTTT TATTACAATT ACAGATGTTG TTTTAACAAA TGATTTATCG CAGGCTAAAG	14340
50	TATTTTTAAC TGTATTAGGT AACGATAAAG AAGTAGAAAA TACATTTAAA GCACTTGATA	14400
	AAGCAAAAGG CTTCAATTAAG TCTGAATTAG GTTCTAGAAT GCGATTACGT ATTATGCCGG	14460

55

	AAGATTTACA CAAACAAGAT AGATAATTTA GTGTTAGGTA TCTGGAAAAT GTTTGATAAT	14580
	TTCTTAATAT CGGTATATTA ACATTAAACA GTTAATACAT AGATGTGTAG AAATAGTTAA	14640
5	CATTTTCCAG TTTTTTTATG AATAAATTTA GTTGATACGC TATTAAAATA TATTTTAAAA	14700
	AAGAAGGTGA CTATATGTAT AATGGGATAT TACCAGTATA TAAAGAGCGC GGTTTAACAA	14760
	GTCATGACGT TGTATTCAAA TTGCGTAAAA TATTAAAAAC TAAAAAATA GGTCAACGCG	14820
10	GTACGCTTGA TCCCGAAGTT GCAGGCGTGT TACCGGTATG TATAGGTAAT GCAACGAGAG	14880
	TTAGTGATTA TGTTATGGAT ATGGGCAAAG CTTATGAAGC AACTGTATCG ATAGGAAGAA	14940
	GTACAACGAC TGAAGATCAA ACGGGTGATA CATTGGAAAC AAAAGGTGTA CACTCAGCAG	15000
15	ATTTTAATAA GGACGATATT GACCGATTGT TAGAAAGTTT TAAAGGTATC ATTGAACAAA	15060
	TTCCGCCGAT GTACTCATCC GTCAAAGTAA ATGGTAAAAA ATTATATGAA TATGCGCGTA	15120
	ATAATGAAAC AGTTGAAAGA CCAAAGCGTA AAGTAAATAT TAAAGACATT GGGCGTATAT	15180
20	CTGAATTAGA TTTTAAAGAA AATGAGTGTC ATTTTAAAT ACGCGTCATC TGTGGTAAAG	15240
	GTACATATAT TAGAACGCTA GCAACTGATA TTGGTGTGAA ATTAGGCTTT CCGGCACATA	15300
	TGTCGAAATT AACACGAATC GAGTCTGGTG GATTTGTGTT GAAAGATAGC CTTACATTAG	15360
25	AACAAATAAA AGAACTTCAT GAGCAGGATT CATTGCAAAA TAAATTGTTT CCTTTAGAAT	15420
	ATGGATTAAA GGGTTTGCCA AGCATTAAAA TTAAAGATTC GCACATAAAA AAACGTATTT	15480
	TAAATGGGCA GAAATTTAAT AAAAATGAAT TTGATAACAA AATTAAAGAC CAAATTGTAT	15540
30	TTATTGATGA TGATTCAGAA AAAGTATTAG CAATTTATAT GGTACACCCT ACAAAGAAT	15600
	CAGAAATTAA ACCTAAAAAA GTCTTTAATT AAAGGAGATA GAATTTATGA AAGTCATAGA	15660
35	AGTGACACAT CCTATACAAT CTAAACAGTA TATTACAGAG GATGTTGCAA TGGCATTCCG	15720
	ATTTTTCGAT GGCATGCATA AAGGTCATGA CAAAGTCTTT GATATATTAA ACGAAATAGC	15780
	TGAGGCACGC AGTTTAAAAA AAGCGGTGAT GACATTGAT CCGCATCCGT CTGTCGTGTT	15840
40	GAATCCTAAA AGAAAACGAA CAACGTATTT AACGCCACTT TCAGATAAAA TCGAAAAAAT	15900
	TAGCCAACAT GATATTGATT ATTGTATAGT GGTTAATTTT TCATCTAGGT TTGCTAATGT	15960
	GAGCGTAGAA GATTTTGTG AAAATTATAT AATTAAAAAT AATGTAAAAG AAGTCATTGC	16020
45	TGGTTTTGAT TTTACTTTTG GTAAATTTGG AAAAGGTAAT ATGACTGTAC TTCAAGAATA	16080
	TGATGCGTTT AATACGACAA TTGTGAGTAA ACAAGAAATT GAAAATGAAA AAATTTCTAC	16140
	AACTTCTATT CGTCAAGATT TAATCAATGG TGAGTTGCAA AAAGCGAATG ATGCTTTAGG	16200
50	CTATATATAT TCTATTAAAG KCACTGTAGT GCAAGGTGAA AAAAGGGGAA GAACTATTGG	16260

55

	TGCTGTTAGT ATTGAAATCG GCACTGAAAA TAAATTATAT CGAGGGGTAG CTAACATAGG	16380
	TGTAAAGCCA ACATTTTCATG ATCCTAACAA AGCAGAAGTT GTCATCGAAG TGAATATCTT	16440
5	TGACTTTGAG GATAATATTT ATGGTGAACG AGTGACCGTG AATTGGCATC ATTTCTTACG	16500
	TCCTGAGATT AAATTTGATG GTATCGACCC ATTAGTTAAA CAAATGAACG ATGATAAATC	16560
10	GCGTGCTAAA TATTTATTAG CAGTTGATTT TGGTGATGAA GTAGCTTATA ATATCTAGAG	16620
	TTGCGTATAG TATATAAAC AATCTATACC ACACCTTTT CTTAGTAGGT CGAATCTCCA	16680
	ACGCCTAACT CGGATTAAGG AGTATTCAAA CATTTTAAGG AGGAAATTGA TTATGGCAAT	16740
15	TTCACAAGAA CGTAAAAACG AAATCATTAA AGAATACCGT GTACACGAAA CTGATACTGG	16800
	TTCACCAGAA GTACAAATCG CTGTACTTAC TGCAGAAATC AACGCaGTAA ACGAACACTT	16860
	ACGTACACAC AAAAAAGACC ACCATTCACG TCGTGGATTA TTAAAAATGG TAGGTCGTCG	16920
20	TAGcATTTaT TAAACTACTT ACGTaGTAAA GATATTCAAC GTTACCGTGA ATTAATTAAA	16980
	TCACTTGGTA TCCGTCGTTA ATCTTAATAT AACGTCTTGG AGGTTGGGGC ATATTTATGT	17040
	TCCAACCTTA ATTTATATTA AAAAAGCTTT TTACAAATAT TAACATTTAT TATATGTTAA	17100
25	GCTAATATTG AGTGAATAAT AAGGTTACAA TGAGATAAAG ATGATATAAG TACACCTAGA	17160
	GTAATAATCA AGATATTAAA AATAAAGTAT GTTTTTTTAA AAAATATAAC TTATATTTAT	17220
	ACTGATAAGG GTGGGACGAT AAGTCTATTT TGTAATAAT AGATGGATAT CCCGCTCTCT	17280
30	TTTTTTCCAA TTCAATATTT TATACTAAT ATTAAAATAC GATAATAAAT GATATGATAT	17340
	AACTATTAGA TTCAAGAGAG GAGATTTATA ATGTCTCAAG AAAAGAAAGT TTTTAAACT	17400
	GAATGGGCAG GAAGATCTTT AACGATTGAA ACAGGGCAAT TAGCTAAACA AGCAAATGGC	17460
35	GCTGTATTGG TTCGTTATGG AGATACAGTC GTGTTATCGA CGGCAACTGC ATCAAAAGAA	17520
	CCTCGTGATG GAGATTTCTT CCCATTAAACA GTGAACTATG AAGAAAAAAT GTACGCTGCG	17580
	GGTAAAATTC CTGGTGGATT TAAAAAGAGA GAAGGACGTC CTGGTGACGA TGCAACATTA	17640
40	ACTGCGCGAT TAATTGATAG ACCAATTAGA CCTTTATTCC CTAAAGGATA TAAGCATGAT	17700
	GTTCAAATTA TGAACATGGT ATTAAGTGCA GATCCTGATT GTTCACCACA AATGGCTGCA	17760
45	ATGATTGGTT CATCTATGGC GCTTAGTGTG TCGGATATTC CATTCGAAGG GCCAATCGCC	17820
	GGTGTAAATG TGGGTTATAT TGACGGTAAA TATATCATT ACCCAACAGT AGAAGAAAAA	17880
	GAAGTTTCTC GTTTAGACCT TGAAGTAGCT GGTCAATAAG ATGCGGTAAA CATGGTAGAG	17940
50	GCAGGCGCTA GTGAGATTAC TGAACAAGAA ATGTTAGAGG CGATTTTCTT TGGTCATGAA	18000
	GAGATTCAAC GTTTAGTTGA TTTCCAACAA CAAATCGTCG ACCACATTCA ACCTGTTAAA	18060

55

	GAAGAAAAAG GACTTAAAGA AACAGTTTTA ACATTTGATA AACAACAACG AGATGaAAAT	18180
	CTTGATAACT TAAAAGAAGA AATCGTCAAT GAATTTATCG ATGAAGAAGA TCCAGAGAAT	18240
5	GAAATTACTTA TTAAAGAAGT TTATGCAATT TTAAATGAAT TAGTGAAAGA AGAAGTTCTGA	18300
	CGTTTAATTG CAGATGAAAA AATTAGACCA GACGGCCGTA AACCTGATGA AATCCGTCCA	18360
10	TTAGATTCTG AAGTTGGTAT TTTACCTAGA ACGCATGGTT CAGGTCTATT TACACGTGGT	18420
	CAGACTCAAG CACTTTCAGT TTTAACATTA GGTGCTTTAG GCGATTATCA ATTAATTGAT	18480
	GGTTTAGGAC CTGAAGAAGA AAAAAGATTC ATGCATCATT ACAACTTCCC GAATTTTTTCA	18540
15	GTAGGTGAAA CTGGTCCAGT ACGTGCGCCA GGTGCTCGTG AAATTGGACA TGGTGCGTTA	18600
	GGTGAAAGAG CATTAAAATA TATTATTCCT GATACTGCTG ATTTCCCATATA TACAATTCGT	18660
	ATTGTAAGTG AGGTACTTGA ATCAAATGGT TCATCATCTC AAGCGTCAAT TTGTGGATCA	18720
20	ACATTAGCAT TAATGGATGC GGGCGTACCG ATTAAAGCAC CAGTTGCTGG TATTGCTATG	18780
	GGCCTTGTTA CACGTGAAGA TAGCTATACG ATTTTAACTG ATATCCAAGG TATGGAAGAT	18840
	GCATTAGGTG ATATGGACTT TAAAGTCGCT GGTACTAAAG AAGGTATTAC AGCAATCCAA	18900
25	ATGGATATTA AAATTGACGG TTTAACGCGT GAAATTATCG AAGAGGCTCT AGAACAAGCG	18960
	AGACGTGGTC GTTTAGAAAT AATGAATCAT ATGTTACAAA CAATTGATCA ACCACGTACT	19020
30	GAATTAAGTG cTTACGCGCC AAAAGTTGTA ACTATGACAA TTAAACCAGA TAAGATTAGA	19080
	GATGTTATCG GACCTGGTGG TAAAAAAATT AACGAAATTA TTGATGAAAC AGGTGTTAAA	19140
	TTAGATATTG AACAAGATGG TACTATCTTT ATTGGTGCTG TTGATCAAGC TATGATAAAT	19200
35	CGTGCTCGTG AAATCATTGA GGAAATTACA CGTGAAGCGG AAGTAGGTCA AACTTATCAA	19260
	GCCACTGTTA AACGTATTGA AAAATACGGT GCGTTTGTAG GCCTATTCCC AGGTAAAGAT	19320
	GCGTTGCTTC ACATTTTACA AATTTCAAAA AATAGAATTG AAAAAGTGGA AGATGTATTA	19380
40	AAAATCGGTG ACACAATTGA AGTTAAGATT ACTGAAATTG ATAAACAAGG TCGAGTAAAT	19440
	GCTTCACATA GAGCATTAGA AGAATAATAT TTAAAGTCAT ATGACGACAA TGTATCGTCA	19500
45	TGTGATTTTT TTATGCCACT TTTTACGAAG TGACCCGTTT TGAATTTGTT GTATTGAACA	19560
	TTTTAAAACG CTTTATTATT TTGTGTGCAA CTGTTAATTA TCCTGTATGT ATAGTGATTA	19620
	ATAGTGATCA TCAAGTGTTT TTTAACTTAT AATGAATAGT GAGTTTATAT ATGGACGGGT	19680
50	AACAAATTTA GGAGGTAAGA TTTTGAGTTT AATAAAGAAA AAGAATAAAG ATATTTCGCAT	19740
	TATACCATTA GCGCGTGTTG GCGAAATTGC TAAAAATATG TATATCGTTG AAGTAGACGA	19800
	TGAAATGTTT ATGTTAGATG CTGGACTTAT GTTTCCAGAA GACGAAATGC TAGGTATTGA	19860

55

	CCTTACACAC	GGACATGAGC	ACGCGATTGG	TGCAGTGAGT	TATGTTTTAG	AACAATTAGA	19980
	TGCACCACTA	TATGGATCTA	AATTGACAA	AGCGTTAATT	AAAGAAAATA	TGAAAGCCCCG	20040
5	TAATATTGAT	AAAAAAGTTC	GCTACTATAC	AGTTAATAAT	GATTCAATTA	TGAGATTCAA	20100
	AAACGTGAAT	ATTAGTTTCT	TTAATACGAC	ACACAGTATT	CCTGATAGTT	TAGGTGTTTG	20160
	TATTCACACT	TCATATGGTG	CCATTGTGTA	TACAGGTGAA	TTTAAGTTTG	ACCAAAGTTT	20220
10	ACATGGACAT	TATGCACCAG	ATATTAAACG	TATGGCAGAG	ATTGGTGAAG	AAGGCGTATT	20280
	TGTCTTAATC	AGTGATTCTA	CTGAGGCAGA	GAAACCTGGA	TATAATACTC	CGGAAAATGT	20340
	GATTGAACAT	CATATGTATG	ATGCTTTTGC	AAAAGTGCGA	GGTCGCTTGA	TAGTTTCATG	20400
15	TTATGCTTCG	AACTTTATAC	GTATTCAGCA	AGTTTTAAAT	ATTGCTAGCA	AGCTAAATCG	20460
	TAAAGTGTC	TTTTTAGGAA	GATCACTTGA	AAGTTCATTT	AATATTGCTC	GTAAAATGGG	20520
20	GTATTTTCGAC	ATTCTCTAAG	ATTGCTAAT	TCCTATAACA	GAAGTTGATA	ATTATCTTAA	20580
	AAATGAAGTG	ATAATTATAG	CTACTGGTAT	GCAAGGAGAA	CCTGTAGAAG	CCTTAAGTCA	20640
	AATGGCGCAA	CATAAGCATA	AAATTATGAA	TATCGAAGAA	GGCGATTCTG	TATTTTTAGC	20700
25	AATTACGGCT	TCTGCTAATA	TGGAAGTTAT	CATTGCGAAT	AcATTAAATG	AGCtTgTtAC	20760
	GnCTGGCGCA	CATATTATTC	CAAATAACAA	AAAGATTCAT	GCTTCAAGTC	ATGGTTGCAT	20820
	GGAAGAATTA	AAAATGATGA	TTAATATTAT	GAAACCTGAA	TACTTTATTC	CTGTACAAGG	20880
30	TGAATTTAAA	ATGCAGATAG	CACATGCGAA	GCTAGCAGCT	GAAGCAGGTG	TTGCACCAGA	20940
	AAAGATTTTC	CTTGTGGAAA	AAGGAGATGT	CATTAATTAC	AACGGTAAAG	ATATGATATT	21000
35	AAATGAAAAG	GTAAATTCAG	GAAATATTTT	AATAGATGGC	ATTGGTATTG	GGGATGTAGG	21060
	AAATATCGTG	TTGAGAGACC	GTCATCTTTT	AGCAGAAGAT	GGTATCTTTA	TTGCTGTGTG	21120
	AACGTTAGAT	CCTAAAAATA	GACGTATAGC	TGCGGGACCT	GAAATTCAAT	CTCGTGGGTT	21180
40	TGTATATGTA	CGTGAAAGTG	AAGACTTATT	ACGTGAAGCA	GAAGAGAAAG	TACGTGAAAT	21240
	AGTAGAGGCT	GGTTTACAAG	AAAAACGCAT	AGAATGGTCT	GAAATTAAAC	AAAATATGCG	21300
	TGATCAAATT	AGTAAACTAT	TATTCGAAAG	TACAAAACGT	CGTCCTATGA	TTATTCCAGT	21360
45	AATTTCTGAA	ATTTAATCAA	AAAGTCATTA	ACATAAAAGA	GGTCAGAACA	AGTCACTGAA	21420
	ATATAATGGT	TGTCATGGAC	AATTTACTTA	TATTTTATGA	TAGTCAATTG	AAGGGGTAAC	21480
50	GATTAATCTG	TTATCTTAAG	TAAATTGATA	CATAGATGAT	ATTGTTCTAA	CCTCTTTCAT	21540
	CGTCTGTTTG	GACTACATAT	TCTAAACATC	AAATAGGAAA	TTATATATAA	TAACGTCGTT	21600
55	TTAACTAAGG	CAACATAAGG	AGGTGCGTCA	ATTGGCACAA	GCAAAAAAGA	AATCGACAGC	21660

GATACGTTAT GTCATAGCTA TTTTAGTAGT TGTATTAAATG GTGTTGGGTG TTTTCCAATT 21780
 AGGAATAATA GGTCGTCTAA TTGACAGCTT CTTTAATTAT TTATTGGGT ACAGTAGATA 21840
 5 TTTAACATAT ATTTTAGTAC TCTTAGCAAC TGGTTTTATT ACATACTCTA AACGTATTCC 21900
 TAmAaCTAGA CGAACGGCTG GTTCGATTGT ATTGCAAATT GCATTGCTAT TTGTATCACA 21960
 GTTAGTTTTT CATTTTAATA GTGGTATCAA AGCTGAAAGA GAACCTGTAC TTTCTTATGT 22020
 10 GTATCAGTCA TACCAACACA GTCATTTCCC AAATTTTGGT GGCGGTGTAT TAGGCTTTTA 22080
 TTTATTAGAG TTAAGCGTAC CTTTAATTTT ATTATTTGGT GTATGTATTA TTAATTTTTT 22140
 ATTATTATGC TCAAGTGTTA TTTTATTAAC AAACCATCAA CATCGTGAAG TTGCAAAAGT 22200
 15 TGCCTGGAA AATATAAAG CTTGGTTTGG TTCATTTAAT GAA 22243

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 165:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 5510 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 165:

TTATTAATna TTAATATTTT TATTTTTTAA AATAAAGCGA GGAGCTATCA ATGGAACAAA 60
 30 TTACTTCTGC ACAAATAAT AGAATTAAAC AAGCGAACAA GCTAAAaAG AAACGTGAGA 120
 GGGATAAAAC TGGATTAGCT TTAATTGAAG GTGTGCATTT AATTGAAGAA GCTTATCAAA 180
 35 GTGGAATTGT AATTACACAA TTATTTGCAA TTGAACCGGC AAGATTAGAT CAGCAAATTA 240
 WCGCATACGC GCAAGAAGTT TTTgAAATAA ACATGAAAGT TGCTGAATCT TTATCAGGTA 300
 CAGTGACACC ACAAGGTTT TTCGCAATCA TTGAGAAGCC GCATTATGAT ATTTCTAAAG 360
 40 CACAACAAGT ATTGCTCATC GATCGTGTC AAGATCCTGG AAATTTAGGC ACATTAATTA 420
 GAACTGCGGA TGCTGCTGGA ATGGATGCTG TAATAATGGA GAAGGGTACG ACAGATCCTT 480
 ATCAAGATAA AGTGTTGCGA GCGAGTCAAG GTAGTGT TTTT CCATTTGCCA GTTATGACAC 540
 45 AAGATCTCGA TACGTTTATT ACTCAATTTA ATGGTCCTGT TTATGGTACA GCACTTGAAA 600
 ACGCAGTGgC ATACAAAGAA GTTACTTCAA GTGATTCTTT TGCATTACTA TTAGGTAATG 660
 50 AGGGAGAAGG TGTTAATCCT GAATTATTAG CACATACTAC ACAAATTTA ATCATACCTA 720
 TTTATGGTAA AGCTGAAAGT TTAAATGTAG CGATTGCAGG TAGTATTTTA CTTTATCATT 780
 TGAAAGGTTG ACCGTGTGA AAGTTTTCCG ATATAATTAT AATTAATTGT TTAACAGAAC 840

	ATAAATAATT	GTTTTAGGGA	GAATAATCGT	GACTGCAAGT	TATTCCAATT	ATTTAAAGTC	960
	TTTTCACCTT	TTTGGTTACT	TAAAGAGATT	TAAGTCGGAA	AGACAATCCG	TTATCAATAT	1020
5	TAAACAAGTG	TATGCTTAGG	CATAAATTTG	GGTGGTACCA	CGGAAATGAC	TTTCGTCCCT	1080
	TATTTTTTAA	GAGGATGAAA	GTCTTTTTTT	AGTTAAACAA	CAAATATGAT	AAATAGAAAA	1140
	TGAATAGTTC	GAATAGGGAG	GTCAGTGACA	TATGTCTGAA	CAACAAACAA	TGTCAGAGTT	1200
10	AAAACAACAA	GCGCTTGTAG	ATATTAATGA	AGCAAATGAT	GAACGTGCAC	TGCAAGAAGT	1260
	TAAAGTGAAA	TACTTAGGTA	AAAAAGGGTC	AGTTAGCGGA	CTAATGAAAT	TGATGAAGGA	1320
	TTTGCCGAAT	GAAGATAAAC	CTGCGTTTGG	TCAAAAAGTG	AATGAATTGC	GTCAAACAAT	1380
15	TCAAATGAA	TTAGATGAAA	GACAACAGAT	GTTAGTTAAA	GAAAAATTAA	ATAAGCCAAT	1440
	TGGcTGAAGA	AACAATTGAT	GTATCATTAC	CAGGTCGTCA	TATTGAAATC	GGTTCAAAGC	1500
20	ATCCATTAAc	ACGTACAATA	GAAGAAATTG	AAGACTTATT	CTTAGGTTTA	GGTTATGAAA	1560
	TTGTGAATGG	ATATGAAGTT	GAACAAGATC	ATTATAACTT	CGAAATGCTG	AATTTACCTA	1620
	AATCACACCC	TGCACGTGAT	ATGCAAGATA	GTTTCTATAT	TACGGATGAA	ATTTTATTAC	1680
25	GTACGCATAC	ATCACCAGTG	CAGGCACGTa	CGATGGAATC	ACGTCATGGT	CAAGGTCCAG	1740
	TTAAAATTAT	TTGCCCTGGT	AAAGTGTATC	GTCGTGACTC	TGATGATGCG	ACACATAGTC	1800
	ATCAATTTAC	ACAAATCGAA	GGATTAGTTG	TTGATAAAAA	CGTTAAAATG	AGTGATTTGA	1860
30	AAGGTACTTT	AGAATTGTTA	GCTAAGAAAT	TATTTGGTGC	TGATCGTGAA	ATTCGTTTAC	1920
	GTCCAAGTTA	CTTCCCATTC	ACTGAACCTT	CTGTAGAAGT	TGATGTGTCA	TGTTTTAAAT	1980
35	GTAAAGGAAA	AGGTTGTAAT	GTGTGTAAAC	ACACAGGATG	GATTGAAATT	TTAGGTGCTG	2040
	GAATGGTACA	TCCTAATGTA	TTAGAAATGG	CTGGTTTTGA	TTCTTCAGAG	TACTCTGGAT	2100
	TTGCATTTGG	TATGGGACCA	GACCGTATTG	CAATGTTGAA	ATATGGTATA	GAAGATATTC	2160
40	GTCATTTCTA	TACTAATGAT	GTGAGATTTT	TAGATCAATT	TAAACCGGTA	GAAGATAGAG	2220
	GTGACATGTA	ATGTTGATAT	CAAATGAATG	GTTGAAAGAA	TATGTAACAA	TCGATGATTC	2280
	TGTAAGTAAT	TTGGCAGAAC	GTATTACGCG	CACAGGTATT	GAAGTGGATG	ATTTAATTGA	2340
45	CTACACAAAA	GATATCAAAA	ATTTAGTTGT	CGGCTTCGTT	AAGTCAAAAG	AGAAACATCC	2400
	TGATGCTGAT	AAATTAAATG	TTTGCCAAGT	TGATATCGGA	GAAGACGAAC	CTGTACAAAT	2460
	CGTTTGTGGT	GCACCGAACG	TTGaTGCAGG	ACAATATGTC	ATTGTTGCTA	AAGTAGGTGG	2520
50	CAGATTGCCT	GGTGGTATTA	AAATTAAGCG	TGCCAAATTA	CGCGGTGAAC	GTTCAGAAGG	2580
	TATGATTTGT	TCGTTACAAG	AAATTGGTAT	TTCAAGTAAC	TATATACCGA	AAAGTTTTGA	2640
55							

	ATATTTAGAT GATCAAGTAA TGGAATTTGA TTTAACGCCG AATCGTGCAG ATGCTTTAAG	2760
	TATGATAGGT ACTGCTTATG AAGTTGCAGC ATTATATAAT ACAAAAATGA CTAAGCCAGA	2820
5	GACAACATCA AATGAGCTTG ATTTATCTGC AAATGATGAA CTGACTGTGA CAATTGAAAA	2880
	TGAAGATAAA GTACCATATT ATAGTGCACG TGTGTGTTTAC GACGTGACAA TTGAACCCTC	2940
	GCCAATTTGG ATGCAAGCAC GCTTAATAAA AGCGGGTATA CGTCCTATTA ATAATGTTGT	3000
10	TGACATTTC AATTATGTGT TATTAGAATA CGGTCAACCA TTGCACATGT TTGATCAAGA	3060
	TGCGATTGGT TCACAACAAA TTGTTGTTTCG TCAAGCTAAT GAAGGCGAAA AAATGACAAC	3120
	ATTAGATGAT ACAGAACGTG AATTATTAAC GAGCGATATT GTCATTACTA ATGGACAAAC	3180
15	TCCAATTGCA TTAGCTGGTG TTATGGGTGG CGATTTTTC GAAGTTAAAG AACAAACATC	3240
	AAATATAGTG ATTGAAGGTG CTATTTTGA TCCAGTTTCA ATTCGTCATA CATCAAGACG	3300
20	TTTAAATTTA CGCAGTGAAT CATCTAGTCG TTTTGAAAAA GGAATAGCTA CTGAATTTGT	3360
	AGATGAAGCA GTCGACCGTG CATGTTATTT ATTACAACT TATGCAAACG GAAAAGTGCT	3420
	AAAAGATAGA GTGTCTTCAG GAGAACTGG TGCATTATTT ACACCAATCG ACATCACTGC	3480
25	TGATAAAATT AATCGCACTA TTGGATTGTA TTTGTCAACAA AATGATATTG TTACTATTTT	3540
	TAATCAACTA GGGTTTGATA CAGAAATAAA TGATGATGTT ATTACAGTGC TAGTACCATC	3600
	ACGTCGTAAA GATATTACAA TTAAAGAAGA TTTAATTGAA GAAGTTGCAC GTATATATGG	3660
30	ATACGACGAT ATTCCATCAA CGTTACCTGT CTTTGATAAA GTTACTAGTG GTCAGCTAAC	3720
	TGATCGCCAA TATAAACTA GAATGGTTAA AGAAGTGTTA GAAGGTGCTG GATTAGACCa	3780
35	AGCTATTACG TATTCGTTAG TTTCTAAAGA AGATGCTACT GCaTTTTCGA TGCAACAGCG	3840
	TCAAACAATT GATTTATTGA TGCCAATGAG TGAAGCGCAT GCGTCATTAC GTCAAAGTTT	3900
	ATTACCATAT TTAATCGAAG CGGCATCATA TAATGTGGCA CGCAAAAATA AAGATGTAAA	3960
40	ATTATTTGAA ATCGGCAATG TCTTCTTTGC TAATGGAGAA GGTGAACTAC CAGATCAAGT	4020
	TGAATATTTA AGTGGTATTT TAACTGGAGA TTATGTAGTC AATCAATGGC AAGGTAAGAA	4080
	AGAAACGGTT GATTTCTATT TAGCAAAAGG TGTCGTGGAT CGAGTATCTG AAAAGTTAAA	4140
45	TCTTGAATTT AGTTATCGCC GTGCTGATAT TGaTGGATTA CATCCAGGTC GTACTGCTGA	4200
	AATCTTATTA GAGAATAAAG TTGTTGGTTT TATTTGGTGA TTACATCCAA TATTAGCAGC	4260
	TGATAATGAT TTAACACGTA CGTATGTTTT TGAGTTGAAT TTTGATGCAT TAATGGCTGT	4320
50	GTCGGTAGGT TACATTAATT ACCAGCCAAT TCCGAGATTC CCAGGCATGT CTCGTGACAT	4380
	TGCATTAGAA GTAGATCAAA ATATTCCAGC AGCTGATTTA TTATCAACGA TTCATGCACA	4440

55

AAAAGGTAAA AAATCAATTG CAATACGTTT AAATTATTTA GACACAGAAG AAACATTGAC 4560
 AGATGAGCGC GTTTCAAAAG TACAAGCGGA AATTGAAGCA GCATTAAATTG AACAAAGGTGC 4620
 5 TGTTATTAGA TAATGATTTA AACCCCATGT ATAAGGATAT CTGAAGTAGA TTGATATCCC 4680
 TAACATGGGG TTTTATTTTT GGGTTCACCA ATTTGGTTCC AATGCATTTA AAAAGTCAAA 4740
 GAGGAACAGC GGAATACAGA TGATGCTTCG CACAAC TGCA TAAAAGCCTC TAATGATTAA 4800
 10 AAATCAAAGA GGCTTTAAAA TTTTTTGGGC TTTTTCACGA TTTTAAAAAT GCTTTTTTGA 4860
 AATGGTATCT AAACGTGAAA GACCGTATTT TTTTATAATT TTGGCGGCGA TTACATCGAC 4920
 TTTAGCACCG GCACCTTTAG GAATCGTCAT ATTAATATTT TTTGATATTT GATCCATATA 4980
 15 TGTAACAAAT GCGTATCGAG AAATTATGCT TGCCACTGCA ATGGCTAATG ACTTCGATTC 5040
 TCCTTTTGT TCAAATTTTG TTTTCTTGG AAGTGGTATA TCTGATAATG CGTAATGGCT 5100
 20 ATACACTTCG CGTTTTGCGA ACTGATCAAT GACGATATAG TCTAATTGAG ACGAATCAAT 5160
 TTTTCAAGT ACATTTTGA TGGCTTCATT ATGAAGGGCA GCTTTCATTT TTAATTGAGT 5220
 CCAGCCTTTT GCTTGCTGAA TATTATATTT TTCATTGTGT AGTGTTAATA ATGAATGTGG 5280
 25 TATGAAAGTA ACCAATTGCT CAGCAAGTTC TACAATTTTG GTATCGGTTA ATTTTTTTGA 5340
 ATCATCTACA CCCAAAGTTT TAAAATAGG GACATGCTCT TTGGTAACGA AAGCAGCACA 5400
 CACAGTCAAC GGACCAAAGT AATCGCCACT TCCAGCCTCA TCACTACCAA TACAGTTAAA 5460
 30 TTGTCATAC ATTAAAGTTg TcCagAAAAG AATTAGCCAT ATTTnCCTTT 5510

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 166:

35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 9623 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

40

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 166:

GntTATACTT ATAAATTTTA CGGGGGTAAT ATAATACTtA TTTACCTGTA ATATATGATA 60
 45 ATTCTTCAGC GGCAGCTGCG TTGATAGTTC TATGAGAAAT GATACCTAAT CCTTTAACAT 120
 TGGATTCTGA AATAACGATA GAACCATCAC TGTTAACTTT TTCAACAAAT GCTACATGAC 180
 CGTAATGTTG ATCTGCACCA AATTGTCCAG CCTCAAATAC AACAGCAGCA TGACGTTTTG 240
 50 GTGTATGACT TACTTGATAA TCACGGTATT GAGCTCGATT ATTCCAATTA TGTGCATCAC 300
 CTAATCACC TGAGATAGAT GTACCAAATT GTTTCATACG GTTATATACG TACCAAGTAC 360

55

	ATGAATCATC ATAATCCTTG ATAGAACGTT CATATTTATC TAAATCTGGC ATGCGTTCAT	480
	CGTCAAAC TG AGTTAATTGA TAGTGTTTAA TAATACTGTT TAATTTCTTA GCATAGTTTG	540
5	GATCTGTAGC ATATGTTTTA GATAAGTGTG ATGTTGCATC TTTATAAGAA TCGGCTTCCG	600
	ATTTCATGT TGGTTTATAA ATTGTTTCGAT TGCCATCAAT ACCATTTTTA ATAAGGTCAG	660
	AGTAATCTTT TAGTGATTCT TTCGTGCTTG GATATTTTCG GAATCCAGCA TTAATACTAT	720
10	ACAATTGATT ACCATCAGCT TCTAATGTGT TAAAAGGAAC AGAATTCCTT TCaAAAGCAC	780
	CTTTGATACC GAATAAATTA TGGTTTGGTG ACwTAGCTAA AGCACTACGA CCTGAGTCAG	840
15	ATTCTAAGAT TGCTTGGGCA ATCATGACAG ACGCATAAAT ATCGTTATCT TGACCAATGC	900
	GATGTGCATC TTTAGCAATT GATTTGACAA ATTGACGTGT ATCTTTTGAG TCAACAACGT	960
	TAAATTGTCC GCTATCATCA TTGTTAGATA TACTAGGATC TGTTTCGAAT AATGATGTTG	1020
20	CACGTGTATC CTTTTGATTA ACATCGTTAT TGAATGATTG AGCAGGTTTA GATTTATGTT	1080
	TCAATTCATC TTGTGTTGGT AACTGTGGAT TCTTTGTATT AGATTTTCA TTTTGTCTT	1140
	TTTTAGATTG AGATGCATAA TCTTTTTGTG TTTTCTTGC ATCTTCACTG TATTGATCCA	1200
25	AAATAGAGTC TAAAGCCGAA TCTGACATTG ATTGATTATC TTTCGATGAA GATTTTGTAT	1260
	TTGCTTTATC GTCACCTGCT GGTGACTAT TTGATTGATT AGGTTGTGTT GGCTTTGGCG	1320
	AATTTGGTTG CTTATTAGAT GTACTTGTTT TTGTATTGTT TGATTTAGGT GCTTTTGTAT	1380
30	TGTCTGCTTT ATCTTGTTTA GATGATTGCG TATCAGTGTC ATTTTGTATG CTATTGTCAC	1440
	TGTTTTTATT CGAATCATTT GTTGACTTTT CGCCATTACG AGGTTGTTTCG TAATCAGAAA	1500
35	TATCCGAATT TAAATTGAAT AAGTTTTGGA TTAAAGTTGT TAATGAGTAA TTATCATCGT	1560
	ATTTATTTTT GGTTAGCAAT TGGTTTATAT TGGTTTGTGG TAAATTCTTA TAAATAAAAT	1620
	CAATGATATT GTTAGAGTCT GAAGTGCTGT CGTCTATAGT TTAAATTTT TTGTCGTTAT	1680
40	TGTCTTGGTT ACTTGATTA TTTTGTCTG CTTTATCAAT ATCTTTACTT GTAGTATCCT	1740
	TAGAAGTTTC ATCGTCATTA GATTTTTTTG AATCATGAGA TGTGTCTTA GCTGTAGTAT	1800
	CTTTTTGAGG TGTATCAGCA TAAGCGgTAG GTGAAaCTAA AGTAGGTAAT ACGAGCGTAG	1860
45	TTGATAGCAA ATAAATTAAA ATTTTATTTT TAGGCATATT TCGTATTCTC CCTTGAAAAA	1920
	TATAATAATT AAGTGTGATA ATAAACTATG ATTTGTTATA ATTTATCGTA TGCTGAAAAT	1980
	AGTTGATAGG TATCAATCGA CTAAATATCT TCCAGTAAAT TGATTATACT AATTCACAAC	2040
50	GCAAAAATAA ATTAATTTAC AAAAAATATA TAAAAAATAT GAATAATTCC TACATAGGAG	2100
	TGTGACAATG AAGAACGCAT TTAAATTATT TAAATGGAT CTGAAGAAAG TAGCTAAGAC	2160
55		

	TAACCTTATGG GCAATGTGGG ATCCATATGG CAACACGGGA CACATCAAGG TCGCAGTCGT	2280
	TAATGAAGAT AAAGGCGACA CAATCAGAGG GAAAAAAGTT AATGTCGGTA ATACGATGGT	2340
5	TAATACACTC AAGAAAAATA AAAGTTTTGA TTGGCAGTTT GTAAGTAGAG AGAAAGCTGA	2400
	TCATGAGATA AAAATGGGTA AATATTTTGC AGGTATTTAC ATCCCATCTA AGTTTACACA	2460
	TGAAATTACA GGGACACTAC GTAAGCAGCC TCAAAAAGCA GATGTAGAAT TTAAGGTGAA	2520
10	TCAGAAGATT AACGCTGTTG CGTCTAAGCT AACAGATACT GGTTCTGTCAG TTGTCGTTGA	2580
	AAAAAGCGAAT GAACAATTTA ATAAAACAGT AACTCGAGCA TTATTAGAAG AAGCTAACAA	2640
15	AGCAGGTTTA ACTATTGAAG AAAATGTGCC GACAATTAAC AAGATAAAAA ATGCGGTATA	2700
	TTCAGCAGAT AAAGCTTTAC CTAAGATTAA TGACTTTGCG AATAAAATTG TATATTTGAA	2760
	TAACCACCAA GCGGATTTAG ATAAATATGC CAATGATTTT AGAAAAGTAG GAAATTATAA	2820
20	AGGTGATATT TTAGATGCTC AGAAAAAATT AAACGAAGTC AATGGTGCTA TTCCGCAACT	2880
	TAATGAAAAG GCTAAGTTGA TATTAGCTTT AAATAATTAT ATGCCGAAAA TTGAAAAAGC	2940
	GTAAATTTT GCAGCTGATG ACGTGCCAGC GCAGTTCCTT AAAATTAATC AAGGACTTAA	3000
25	CATTGCGAGT CAAGGTATTG ATCAAGCTAA TGGACAGTTA AATGATGCCA AAGGCTTCGT	3060
	CACACAAGTT AGAAGTAGAG TCGGTGATTA TCAAGATGCA ATTTCGACGCG CGCAAGATTT	3120
	AAATCGAAGA AACCAGCAAC AGATTCCTCA AAATAGCGCG GCGAACAACG AAACATCAAA	3180
30	TAGTGCACCT GCAGCTGGTA ATGGTGTAGC ATCAACGCCA CCAAGTGCAC CAAGTGGCGA	3240
	TACTGCACCA AATAATAATG TTACGCAAAA TACCGCACCA AATAGTAATA ATGCGCCTGT	3300
35	ATCGACTACA CCACAAAGTA CAAGCGGGAA AAAAGATGGT CAAAGTTTTG TAGATATAAC	3360
	AACAACACAA GTCAGCACAG CTAACGAGAA CACACAAAAC ATTACAGATA AAGATGTTAA	3420
	ATCAATGGAA GCGGCATTAA CGGGCTCTTT ATTATCATTA TCAAATAATT TAGATACCCA	3480
40	ACCGAAAGCC GCACAAAAG ATAGTCAGGC ATTACGTAAT ATTTCGTATG GGATTTTAGC	3540
	ATCGGACAAG CCTTCTGATT TTAGAGAGTC TTTAGATAAT GTTAAGTCCG GTTTAGAATA	3600
	CACAACGCAA TATAATCAAC AATTTATCGA TACATTAAAA GAGATTGAGA AGAATGAAAA	3660
45	TGTTGATTTA TCAAAAGAAA TTGATAAGGT AAAAGCAGCT AATAATCGAA TTAATGAATC	3720
	ATTAAGGTTA GTTAATCAAT TAAGCAATGC ATTAAAGAAT GGTAGTTCAG GAACTGCTGA	3780
50	AGCTACTAAA TTACTAGATC AACTTTCAAA ACTAGATTCA TCATTATCAT CATTTAGAGA	3840
	TTATGTTAAA AAAGATCTTA ACAGCTCTTT AGTATCAATA TCACAACGTA TTATGGATGA	3900
	ATTGAACAAA GGGCAAAGT CATTATCCAA TGTTCACTT AAATTAAATA CAATTGATCA	3960

55

	AACAGTATTA CCAAGTATTG AACACAATA CATTAGTGCT GTTAAAAATG CTCAAGCAAA	4080
	CTTCTCGAAA GTGAAAAGTG ATGTAGcTAA AGCTGCTAAC TTTGTGCGCA ATGACTTACC	4140
5	ACAGTTAGAA CAGCGATTAA CTAATGCGAC AGCAAGTGTG AATAAAAAATT TACCAACGTT	4200
	ATTAAATGGT TATGATCAAG CGGTAGGATT ACTAAATAAA AATCAGCCAC AAGCGAAAAA	4260
10	GGCTTTATCA GATTTAGCTG ATTTTCTCA AAATAAATTG CCTGATGTTG AAAAAGATTT	4320
	GAAAAAGCG AATAAAATTT TCAAGAAATT AGACAAAGAT GATGCAGTCG ACAAATTAAT	4380
	CGACACACTT AAGAATGATT TGA AAAAGCA AGCGGGTATT ATTGCAAATC CTATTAATAA	4440
15	GAAGACTGTT GATGTTTTCC CAGTTAAGGA TTATGGTTCA GGTATGACAC CATTCTATAC	4500
	TGCACTGTCA GTATGGGTAG GTGCACTCTT GATGGTAAGT TTATTAACGG TTGATAATAA	4560
	ACATAAGAGT CTAGAGTCAG TCTTAACGAC AAGACAAGTG TTCTTAGGTA AGGCAGGATT	4620
20	CTTTATAATG CTTGGTATGT TGCAAGCACT CATTGTATCG GTTGGAGATT TGTTAATCCT	4680
	AAAAGCAGGA GTTGAGTCAC CTGTATTATT TGTACTTATA ACGATTTTCT GTTCGATTAT	4740
	TTTCAACTCA ATCGTATATA CGTGCGTATC ATTACTTGGT AACCCAGGTA AAGCCATTGC	4800
25	AATCGTATTG CTTGTATTAC AAATTGCAGG TGGTGGGGGA ACATTCCCAA TTCAACTAC	4860
	GCCACAATTT TTCCAAAACA TTTCGCCATA CTTACCATTT ACGTATGCAA TTGATTCAAT	4920
30	ACGTGAAACA GTAGGCGGTA TTGTTCCGGA AATCCTAATT ACAAATTAAT TTATATTAAC	4980
	GTTATTTGGT ATAGGATTCT TCGTTGTAGG TTTAATTTTA AAACCTGTAA CAGATCCATT	5040
	GATGAAGCGC GTATCTGAAA AAGTTGACCA AAGTAACGTT ACAGAATAAA AATTAAATCC	5100
35	ACACATTAGG GTTATAGCTC CTTAATGTGT GGATTTTTAT GTTTTATAGAC AGAAGAGATA	5160
	GTAATTTCTG TCTTTTATGG GACGGTTGTT ATCATTGCTA TTATCCAGGA TGACTIONT	5220
	TAGGACTAAT ATTACCGACA AAGTGAATAT CCTCGTCTTC CGTAGTTAAA ATAAAGCTAG	5280
40	AACCTTTTTG GATGTCATAG TGCTTATCGT TTACTIONTAA AGTACCAGTA CCATCGATAA	5340
	TTGTAATAA GCAATAAGCA TGTGGTTTAT TGAATTTTAA ATCTCCATGA ATATCCCATT	5400
	TATATACTGC AAAATATTGA TTATCTACAA ATTGAGTTAC AGTGTGTGTG TCGATGTGAG	5460
45	TTGTTATAGG AGTAGTATTT GGTTTATGAT TGCCTAATTC AATCACATCT TTACTTTGCT	5520
	CTAAGTGCAA ATCAGCAAT TGACCATTTT GATCTCGTCT ATCATAGTCA TAAATACGGT	5580
50	ATGTCGTATC GGAGGATTGT TGTGTCTCTA AAATTAATAA ACCCGAACCA ATGGCATGGA	5640
	CAGTGCCAGC AGGAACATAA TAAAAGTCAC CGGGCTTAAC AGGTATACGT TTGAAAAGAC	5700
	TGTCAAATTC ATGATTATCA ATCATGTCTA TTAACGTCTG TTTATTATGT GCATGTACGC	5760

	GTTGCGCTTC GTGTTTTAAA GCGTAGTCAT CATCTGGGTG AACTTGAACA GATAATTTAT	5880
	CATTGGCATC TAATACTTTA GTTAGCAGAG GGAAACTATC TCGTGAATCA TTATCGAATA	5940
5	ATTCACGATG TTGTGACCAA AGTTGATCTA GGGTCATATC CTTGTATGGA CCATTGATAA	6000
	TTGTATTAGG ACCATTGGA TGTGCAGAAA TTGCCCAGCA TTCACCAGTT GTTTCATTAG	6060
	GGATATCATA GTTAAATGCT TTTAATGCAT GACCGCCCCA AATTCTGTCT TTAAAAACGG	6120
10	GTTGTAAAAA TAATGCCATA GTTAAAACTC CTCTATATTT TCAITTAATAA GTTATAAATT	6180
	TCTGTAGTAC TGTTTGCATT AATTAGTGAT TGGCGTGTCT CATCATTCAT TAACGCTTTA	6240
15	GATAAGCGCT GAAGTATTTT TAAATGTGTA TCCTGACTGT TGTTTGGTAC GGCAATTAAG	6300
	AATATCAATT GAGGTAGACT ACCATCTAGA CTGTCCCAT TAAACACCATG ATTATTTTTC	6360
	ATAACAGCTA CAATCGGTTG TTTTACAACA TCAGACTTTG CATGTGGAAT GGCCACGTTT	6420
20	ATGCCAATAG CTGTCGTAGm tCcATTTCAC GTTCTAGTAT TGCATTTTTT AAATGCGATG	6480
	TGTGCTCTAC ATAACGGCAA ATTTAAGTT TATGAATCAA CATATCAATT GCTTCGTTTC	6540
	GAGACATGTC GTGATCAGTA ATTATCATAG TTTGTTGATC AAAACATGA GAAGGTTTAT	6600
25	TGAGATGTGA ATGTTTCGCG GTGTTATCTA CATTGTCAAC CTCTGTATCA TGTGTGTAA	6660
	TATCTGTATC ATGAAGTTGC GTGTGTGCG CTGGTGCATC TACTGCTATA ACTGGTGTAT	6720
	TGCGTTTTAA TAATAGTACA GTAGTCATTG TGACAAGACT ACCTACTATC ACTGCAAAGA	6780
30	TAAACCATAA TACATGATCA ATACCACCTA ATACAGCCAC GATTGGACCT CCATGTGCGA	6840
	CTCTATCGCC GACACCACCA ATGGCTGCAA TGACTGATGC AATCATTGCA CCAATGATGT	6900
35	TTGCAGGTAT AATGCGCAAT GGATCTTGGG CTGCGAAAGG AATAGCACCT TCAGTAATAC	6960
	CAAATAGTCC CATAGTGAAG GAAGCCTTAC CCATTTCTCT TTCGGAATGA TTGAATTTAT	7020
	ACTTTGAAC AAACGTTGCT AAACCTAAAC CGATTGGTGG TGTACATACA GCAACTGCGA	7080
40	CCATACCCAT AACGGCGTAA TTACCTTCAG CAATAAGTGC TGAGCCAAAT AAAAATGCTA	7140
	CCTTGTTTAC TGGACCGCCC ATATCGAAGG CAATCATCGC ACCTATAATC ATCGCAAGTA	7200
	TAATAATATT AGCACCTTGC ATACTTTTTA ACCAGGTTGT TAATGCCTCA AAAATATTAG	7260
45	AAATTGGTGC ACCGATTAAA AATATAAATA TCAATCCTAC AACGACCGAT GAAATAATGG	7320
	GAATAATAAT GATAGGCATA ATTGGTGCCA TTGCTTTTGG AACTTTAATA TCTTTAATCC	7380
	ACTTTGCGAT ATAACCTGCT AAGAAACCAG CAACAATACC ACCTAAAAAT CCTGCGCCTG	7440
50	CATCACTGCC ATAAAACTA CCGTCAGCAG CGATAGCGCC GCCAATCATA CCAGGAACAA	7500
	GACCGGGcTT GTCAGCGATA CTAACAGCGA TATATCCAGC TAGTATTGGA ACCATAAATT	7560
55		

	ATCCTTTTGA TGTCGTTtCA CCGCCTAGAG TCAGCGCGAT GCGGATAAGG AGTCCACCAA	7680
	CTACGATAAA AGGAACCATA AACGATACAC CGTTCATTAA ATGTTGATAC ACCATTTGAA	7740
5	TACCATTTTT AGACTTACCG CGATCTTTCG AATGATAATT TGTTTCAGAT TGATAAATAG	7800
	GCGCATCTTG ATTAATGATA CGTTGAATTA GACCTCTCGG ATTATGAATC CCTTCGCGAA	7860
10	CATTTTCATT AATCAACCGT TTACCAACAA ATCGGGACAG ATCAACTTGT TTATCAGCTG	7920
	CAATTATGAC ACCGTCAGCT TCTTCGATGT CTTGCGTAGT TAAAACATTT TCAGCACCAA	7980
	CACCGCCCTG TGTCTCTACT TTAATATCCA CACCCATTTT TTTTGCTACC TGCTCAAGCT	8040
15	TTTCTTGAGC CATATATGTA TGTGCAATGC CATTTGGGCA TGAGGTAATA GCTACAATTT	8100
	TCATAAAATC ATCTCCTTTT CTATATTGTA AGCGTATTCT CGATACTAAA AAAAAGAATA	8160
	ATTACCGTTA CTAGTGGCAA TTATTCCTGT AAGTATTCAA ATAAGTGTG CTTTAAACTA	8220
20	TGATCATCTA AACTACATAA ATGGTTCCTT GAATCATCAT CCAAGTTAGC AATTAATTGC	8280
	ATCATTTGTT TTGTAAAAGC TTTGCTTTTA TGCGAAATCG CTAAGAAAAA GACAAGTTTG	8340
	ACATCGTGTT GTCGCCAAGG AAAACATCT TTTGTGCGAA AAATAAGCAC ATGTGATTGT	8400
25	AAAACTTTTT CAGGATCTCC ATGAGGAATC GCCATAAAAT TACCTATGTA TGTAGAAGAT	8460
	GATTTCTCAC GCTCTAAAGC TGATTCGATA TATCCTTCTA CAATCGCATG ATGTGCTTGT	8520
	AATATTTTTT GAGCTTCTTC AAAAATTTGC ACAGTATGCC GTGATTTTTG TTCAGTATTT	8580
30	ACGACAAGGA AATTGACAGT GTCCATATGA TGATGTGCTT GAACCGGATT TTGCTTTTGC	8640
	TTCACAACGT GTCTGATTTT GTGACGATCA TCTTCAGAAA ATAATGGTGC AACCTTGATA	8700
35	GTCGTCAGGT GCTTAGGAAG TATGTTTAGC GTTTGTTTAG GAATATCATG GGTCGTTATT	8760
	AATAAATCTA CATTGTCAAA GTGATAGTGT GTTATATTTT CTAGTTTAAAT CGTATTTATC	8820
	ACTGACAACCT CTTCCGATAA GTTATTTATT TTAGTTTCTA AAAAATTCGA CACACCTAGA	8880
40	CCATAATAAC AAGCAATGAC TACATTTAAT TGTGTTTTGG TACGACGCTC GATGGCAGCT	8940
	TGAAAATGAA TTGTTAAAAA TGCAATTTCA TCTTCGCTCA TCTCTATATC AGTATCAATT	9000
	GCTAATTTAT CAATCGCTTC AAAAAGTGTG TTAAACACAA AGGGATAGAG TTTTTTAATC	9060
45	TCTATAACTA AAGGATTGTT TAAATAAATG TTTTGAGTGA TACGTAAATA TGCTTTACTA	9120
	AAATGATTAT ATAAATTTTG TTGTAAAATC GAATCTTCAT TGAAAGGTAC ATGAATACGT	9180
	TGCTGCATCA ATTCGATTAA GCGATCAATA TAACTTTGTA TAAATATACG TTCTATGCCA	9240
50	ATATCGAGTT TATTAAAAATG ATAAGCAATA AAGAATGAAA ACATATTGAT TACTTTTTCG	9300
	TTCAAGTCAT AACCTAATCT TTCGTTGATT TGCTTAATGC AAGATTGAGA TATCAATTTT	9360
55		

AGATGAATTA AAAGCTGTTG TATTTGAATA TCAGTTGTTT CAATACTATG TTGTTGAAGT 9480
 GTCTCTTGTA TAATATGCGA AATCATCCTT TGGTGTGAAT CAGGTAATTC aTTTAAAATT 9540
 5 AGGTCTTCAA CATGTACATG CCCTGATGAT AATTGATTTA AATGGATGAT GGCATTAGTG 9500
 ATATCATTAT CTGTTCCATC GAC 9523

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 167:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1021 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 15 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 167:

20 ACCGTGGAAA CACGTCTAGT CAATCAGAAA GCGATAAAAA TGTGACTAAA TCATCTCAAG 60
 AGGAAAATCA AGCAAAAGAA GAATTACAAA GCGTTTTTAA CAAAATTAAC AAACAATCAA 120
 GTAAGAATAA TTAAAAAATT TTGATATTGT CTATGTTTAT AGTTCACAAG CCATTCAACG 180
 25 TATTGTAAAC TAAGGATAGT GTATTTTTTT AATAGTAATT TGTCAGGAGG TGCCTATCTA 240
 TGAAGAACA TTAATACGTA AGTATTGATA TTGGATCATC AAGCGTAAAA ACAATAGTAG 300
 GCGAGAAATT TCACAAATGGT ATAAATGTGA TAGGTACAGG ACAAACCTAC ACGAGCGGTA 360
 30 TAAAAAATGG TTTAATTGAT GATTTTGATA TTGCGCGACA AGCAATCAAA GACACAATTA 420
 AAAAGGCATC AATCGCTTCG GGTGTTGATA TTAAAGAAGT TTTCCTGAAA TTACCTATCA 480
 35 TTGGAACGGA AGTTTATGAT GAATCAAATG AAATCGACTT TTATGAGGAT ACAGAAATCA 540
 ACGGTTTACA TATCGAAAAA GTATTAGAAG GTATTAGAGA AAAAAATGAT GTGCAAGAAA 600
 CAGAAATAAT TAATGTGTTT CCGATTCGTT TTATAGTCGA TAAAGAAAAT GAGGTTTCAG 660
 40 ACCCTAAAGA ATTAATTGCC AGACATTCAT TAAAGGTTGA AGCAGGCGTA ATTGCTATTC 720
 AAAAATCGAT TTTAATTAAT ATGATTAAAT GCGTAGAAGC ATGTGGTGTT GATGTATTAG 780
 ATGTTTACTC TGATGCATAT AACTATGGTT CAATCCTAAC AGCTACTGAA AAAGAGTTAG 840
 45 GTGCATGTGT CATTGATATT GGTGAAGACG TTACGCAAGT TGCTTTTTTAT GAACGCGGTG 900
 AATTAGTAGA TGCTGATTCT ATCGAAATGG CAGGCGGTGA TATTACaGAC GATaTTGCAC 960
 aAGGrTTaAA CACTTCTnAT GAACTGCTG nAAAAAGTTA AACACCAATn TGGTCATGCA 1020
 50 T 1021

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 168:

(A) LENGTH: 7963 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 168:

10	TAATCTATTA TAAAACTGT CCATACCCTT TGATTACCTT CTCTTCAGGT ACAGGCCACA	60
	CTTGAGGCCA TAAGCCATAT GCTTGCTGTG AATAAAATG TGCCATTTGT AACAAATATAA	120
	TATATACAAA TAAACACCCA ATAATTGCTG TCACTAATGG ATATGATAAC CAAACCATTA	180
15	ATAAACTGC AATAATTACT AACCTAAAGA TAATATTAAA TCGTCTCTC CCTCTTATAA	240
	AGCTTCTAAT AAATAAGAAT AAATACATCG CATTAGAGTT AAATTTACTA CCCTTTGGAA	300
	CTGGTAAAAG TATATCTAGA TAACCTCTC TGA CTGCAGA TTCTTTCAA TGTTTTACAT	360
20	CGGTGAACAT ATTAACAAAT TTATAATAAT TCATATGATG TCGATGTTG ATTGCAATCA	420
	TTTTCTCCCA AGGATACAAA AAGCCTGGTT TATATTTTTT AACTAAAAAT TCTATTAACA	480
	CAGGCAAAGC AACCATCACA AATGCGATGT ACCATTTTGG AGCTAATAGT AAGTAATATG	540
25	TTAGAGCAAA GGTGATGAAT GATATTAAAT TAACCTGCCA TGTTTTAAGT CCCGATTGAT	600
	ACCATTGCCA TCTTAAGCGT AAACCAACAT ATGGAAAAAT TAATGCACTG ACTCCAAAC	660
30	AAATATAAAA TGCCACATTA TGTGATTAA TATTGTAAAA CAACGGGAAC ATTACAATAA	720
	CAATAATGAG TTGGATTAAAT ATGCGCGCAA AGTAACTATA TAAATCGCA TGACGCATAA	780
	ATTGAGACAT GTGTTTTTCA AATGGTAATA AAAAGATTTT ATCCgCTTCT TTTAACAGTG	840
35	GTCsCmTTGG AAAAATAGrT GTCAACGCAA CAATCACTGC TGCTATTaAT GAAAAATTGa	900
	TATTCGTTGG AATATGTTTT AACCATTcAC CATATCCaYa AATAAATGCA CCCAGCAAAA	960
	TAAGTAAAAA GACCATGAAA TGACCATTAAT ATATAAACTT ATTATAATAA TTTTtCTCTT	1020
40	TACGAAGGGC ATGTAATCTT TTATTAAATA ATGTGGTgC TTGGTTACGC ATGTACATCT	1080
	CCACCTTGGC TCACATGAAT ATATATATCG TCTAATGTTT GATTATGTAA GCCAGTTTGT	1140
	TGTCTCAATG CTTCTAAATC TCCAAATGCA ACGACTTCAC CTTCGTCTAG TATGaTAAAA	1200
45	CGATCACAGT AACGTTGAGC TGTTGCTAAA ATATGTGTAC TCATTAGAAC GGTTCACCT	1260
	TCGTTTTTCT TTTCAACCAT TAAATCTAAC ATGGATTGAA TTCCTAATGG ATCTAGGCCA	1320
50	AGGAATGGTT CGTCTATAAT ATACAATTCG GGATTAAACGA TAAACGCACA AATAATCATG	1380
	ACTTTTTGTT TCATCCCCCTT AGAAAAATGA CTCGGAAAAA CTTTCAACTC ATTTTCTAAA	1440
	CGGAATGTCT TTAATAATGG CATTGCTCGA TTCATCGTTT CATCACGATC AATATCATAT	1500

55

	TCCGGAATAT AAGATAACTT TCITCTATAA GCCTCTATGT CATCATTAAT GTTGATATCT	1620
	GAAATTGATA GAGATCCTTC CATAGGTGTA AGCAATCCTA GCATATGTTT AATCGTTGTA	1680
5	CTCTTACCAG CGCCATTAAG GCCAATAAGT CCAACAATTT CGCCTTTGTT TAATTCAAAA	1740
	TTTATATCTT TAATTACAGG GCGTTTTCCA TATCCACCTG TAAGCTGTTT TACTTTAACT	1800
	GTCATAAGGC ACCTCCATGA CTTATATTGT ACCAAAAATT ATAAAATGCT CATATTAAAT	1860
10	ACACATGTCC TAATATCGAA TTTTAGCGA CAATGTTATA ATGAATGGTA ATACTAGTTG	1920
	AAAAGGAGTG TAGTCATCAT GTCAGAAACA ATTTTCGGCA AAATTTTAAC TGGAGAAATT	1980
	CCTAGCTTTA AAGTATATGA AGACGATTAT GTCTATGCCT TTTTAGATAT ATCACAAGTT	2040
15	ACTAAAGGAC ATACGTTATT AATTCCTAAA AAAGCTTCTG CTAATATCTT TGAAACTGAT	2100
	GAAGAAACAA TGAAACATAT CGGTGCAGCA TTACCTAAAG TAGCAAATGC TATTAAGCGT	2160
20	GCATTTAATC CTGATGGTTT AACATTATT CAAAATAATG GTGAGTTTGC AGATCAATCT	2220
	GTATTTTATA TTCATTTCCA CTTAATTCCT CGATACGAAA ATGATATTGA TGGATTTGGT	2280
	TATAAGTGGG AAACACATGA AGACATTTTA GATAACGATG CAAAACAACA AATTGCTGAA	2340
25	CAAATTCAAG CACAATTTTA AATGTATGCT TAATCTAAGC TCGAACGGGT ATAATATGAT	2400
	TAATATTATA ACAATTGCGT TTGAAGTGAT AACATCAAGG TTAGCAATTT TAAACAAAAT	2460
	GAGTTATCAA GATAACAGAT GTTAAAAGTG AGGAGAATAT AAATGAAAGC ATCAGCATT	2520
30	CTATTCGGTA TCGGTGTTGG CGTAGCAGCT GGTTTTGTAG TTGCACTTCA AGGACGTGAC	2580
	GACAAAAGTG TCAAGAACAA CACGATCGAT CGTACTGCCC CTACTGGTTC AAAATCAGAA	2640
	CTACAACGTG AATTTGAAAC GATTAAACAA AGTTTAAATG ACATTTTAAA CTATGGTGT	2700
35	CAAATTAAAA ACGAAAGTGC GGAATTTGGT AGTTCAATTG GTGGTGAAAT TAAGTCATTA	2760
	CTTGGAAGT TCAAATCTGA CATTAACTCT AATATTGAAC GTTTACAGTC ACACATCGAA	2820
	AATTTACAAA ATCGTGGCGA GGATATTGGA AACGAAATTT CTAAGTAGCA GGTACGTTT	2880
40	TCGATCACAA CTATTTTAT TAGTAACAGC ATATTTATTT TTTAAAATTA AATGCCAAT	2940
	AAACGAGATG ACATTAGAAA TTAGATATTT CTGTGCATCT CTTTTTAAA ACTCAAATGA	3000
45	ACTTATGTTT ACAAATTATA GGAAGACATT GTTTGTAGTG ATTTTCGCTT AAATCATATT	3060
	TATGAATTGA TTGAAAACAT TGCTTAGGAT TCATTGTGTT ATCCTTGCAC TTTGATTACG	3120
	CTTTACTTAA ATCATTATCG ACAAACAACA TACTTATATT TTCATTGAGC CGAACCTTAT	3180
50	ATACACATTA CATATACCTT ACTTGCACAA ATTATTAATC TGGTGTATTA TATAATTACA	3240
	TATCACTATA TTTTAGCAT TTGTATAACT TAGTTGGTCA AAAGATGCTT TTGCATATGC	3300

55

	TTTCATAAGT GATGCTTTAT TAGCAAGAAT ATGTGTTTCG AGAAATTTGT TCTGCATTCT	3420
	ACTTCTACGC TAGTCAATCA GACAATTTTA CCAATCCCCA CTTTCGCGTT TCAAATCAAA	3480
5	CAATACGTCG CTCCTTTCTT CTTATATAAC AATTCTTCTA ACATGATATG TTTACTATTGA	3540
	ATTACTGAAC CTGAGTTAGT TATAATCTAA CTTATATTGA AAAGAGATGA GGCCTAAGAT	3600
	ATGTTTTTAT GTAAAAGACA AATTGATATC AATGCACGAT TTGGTTTGCC TAGAATTGCA	3660
10	TTTATGAGTG CAGTTGCAAC CATCATTATG TTTTATAGTA GTTATGAAGT AATGTATTTT	3720
	TTATCTAATA CGCCATTATC AGATAGACAT TTTCTCATCT TTTTATTACT TGTATTTATG	3780
	ACGTATCCAT TACATAAAAG TATACATTTA TTATTTTTCT TACCATATAG AAAATCGTTT	3840
15	AAAGTTCATA AGTTAACTAA AAGAAAATGG CTTATATTCT ATAATACCTA CGTCAATCAA	3900
	CCTGTACACA AATTTTATTT TTGCATTAAC TTAATATTGC CGTTAATTAT CTTATCTGCA	3960
20	ATGTTTCGTTT ATCTAACAAT TTCATTCCCG CAATATGGAC ATTATTTTAT GTTCTTATTG	4020
	GCATTGAATT TCGGTATTTT CATTACAGAT TTATTATATT TAAAAATAAT TATATTTTCT	4080
	AATTATGGAC AATATATAGA AGAACATAGT ACAGGTATTA ATATTTTGAA AAAAATTAAA	4140
25	AATCCATATC ATTTATAACA AAATAATTAT AGCAAGGTGT TATTATTTGT TTTTAGGCTA	4200
	TGTAATAgcT tACAATCAAA TGTATATAGA CCTTGTTTTT TTATTTTCAT CAATTTCTAC	4260
	CCCTAAACCT AATGCTCTAG TCTGATGTCA TGGGTTATTG ATTGGTGATA ATATAAACT	4320
30	ATGTTATATT CACGATGATT AACTTACAAA GGAGTTTCAA CTATGAAGAT GATAAACAAA	4380
	TTAATCGTTC CGGTAACAGC TAGTGCTTTA TTATTAGGCG CTTGTGGCgC TAGTGCCACA	4440
	GACTCTAAAG AAAATACATT AATTTCTTCT AAAGCTGGAG ACGTAACAGT TGCAGATACA	4500
35	ATGAAAAAAA TCGGTAAAGA TCAAATTGCA AATGCATCAT TTACTGAAAT GTTAAATAAA	4560
	ATTTTAGCTG ATAAATATAA AAATAAAGTT AATGATAAGA AGATTGACGA ACAAATTGAA	4620
	AAAATGCAAA AGCAATACGG CGGTAAAGAT AAATTTGAAA AGGCCCTTCA ACAGCAAGGT	4680
40	TTAACAGCCG ATAAATATAA AGAAAATTTA CGTACTGCTG CTTATCATAA AGAATTACTA	4740
	TCAGATAAAA TTAATATCTC TGATTCTGAA ATTAAAGAAG ACAGCArGAA AGCTTCACAC	4800
45	ATTTTAATTA AAGTTAAATC TAAGAAAAGC GACmAGAAG GCTTAGATGA TAAAGAAGCG	4860
	AAACAAAAAG CTGAAGAAAT TCAAAAAGAA GTTTCAAAAG ATCCAAGTAA ATTTGGTGAA	4920
	ATCGCTAAAA AAGAATCAAT GGATACTGGT TCAGCTAAAA AAGATGGCGA ATTAGGTTAT	4980
50	GTTCTTAAAG GACAACTGA TAAAGATTTT GAAAAAGCAC TATTTAAGCT TAAAGATGGT	5040
	GAAGTATCAG AGGTTGTTAA ATCAAGCTTT GGATATCATA TTATTAAAGC TGATAAACCA	5100

55

AAAAATCCAA AATTATTGAC TGATGCATAC AAAGATCTAT TAAAAGAATA CGATGTTGAC 5220
TTTAAAGATC GTGATATTAA ATCAGTTGTC GAAGATAAAA TCTTAAACCC TGAAAAACTT 5280
5 AAACAAGGTG GCGCACAAGG CGGACAATCC GGCATGAGCC AATAACACAA AACCGAGCGA 5340
CCGTGGTTCA AAAATCATAC CACGGCCGCT CGGTTTTTTC GCATTAAAAA TCGGACAGAT 5400
GAGCTCATGT TTCAGTATAC TCATCTGTCC GATATCTTTT AATTCTTAAT CGAGTGATTG 5460
10 AGGATTGTAG AATCTACGAT TTTCAAGACC AAATATTTTA TCTGTAAACT GACCCTTGTC 5520
AGTTTTTTTA TATGCCCTTTT CAAACATATT CATTCTAGCA TCGATATTAT CGATATAGCA 5580
TAAAAATTTCT GCTTCTTTTA AGTATGGCAG TTTTGGAGAA CCATACTCTA ACTTACCATG 5640
15 ATGAGATAAA ATCATATGTC TTAACAACAT GATTTCTTCT CCTTCAATGT TCAATTCACG 5700
AGCTGCTTCA ACTACTTCAT CACTCGCAAT CGAGATGTGT CCTAATAAGT TACCTTCGAC 5760
20 TGTATACGAC GTCGCAACAG GACCACTCAA TTCTCTAACT TTACCAATAT CATGCAAAAT 5820
AATACCACTA TATAACAAAC TTTTGTTTAA CAATGGATAA ATGTCaCAA TTGATTTTGC 5880
AATACGTAAC ATCGTTAATA CATGATAGCT TAAGCCACTC GCAAAGTTAT GaTGATGAGA 5940
25 ACTAGCAGCT GGATATGTGT AAAATCGTTC TTGATATTTT TTCAATAAAT GACGTGTGAT 6000
ACGTTGTAAG TTAGCATTTT CAATATCTAG CAAATAATGA GAAATCTCTT CTTGTATTTC 6060
TGCCGGTGAT AAAGGTGCAC CATCTACAAA TTGTTCTGTT TTTAATTGAT CTTCAGTTGT 6120
30 CGCTAGTCTA ATTTGGTTGA CTTTCATCTG TTTATTTCCG CGATAGTTTA TGATGTCACC 6180
TTTAACATGT ACAATTTCTT CAGGCTTGAT TGTTGCCATA TCATTTTTTG TAGCCGTCCA 6240
AAATTCGCT TCAATTTTAC CACTTTTATC TTGCAAATGT AATGTCATAT AATCTTTACC 6300
35 TTGTGCTGTT ACACCCTGTG TAGCTTTATG CACTAAGAAA AAGTGATCAA CTGAATCTCC 6360
GGGAATTAGA TTCTCTATAT TTCTCATCGT TTCCCGCCTT CCTCTATTTT GTTTAATGTA 6420
ATCACTTCTT TTGATGGAAC AATATTATCT TTTACACATG TAAAGTATAG TACTTGATAG 6480
40 TGTTCTGATA ATGATCGTAA ATAATTCAAC ATTTTTTCAG TACGTTTTTT ATCAAAATGA 6540
ACAAATGCAT CATCAACAAT TAATGGGAAC GGATAATATG GTCTTAGTAC CTTAATTAAA 6600
45 CTGATACGTA AAGCTACATA AAGTAATTCT TTTGTAGATT GACTTAGTTC AACAGGATCA 6660
TATAATTGAC CATTAACATG TTTAACCGTA ATTGAATCTT CATTATAGTT AATCATCGTA 6720
TATCTGCCAT CTGTTAAATG CTTCAATATT TCTACCGCTT CATTATAAAC TTGAGGCAAA 6780
50 CGTTTATCTT TAATTTGTTT AATGTGTTCA TCAACTAAAC TTTGTAAATA ACTTAACTT 6840
GCCCAATCTT TTGCGATATC ATTAAGTTGA TTTTAAAGAC TGTGATATTC ATGTCCTAAA 6900

55

GCTTGCATTT CAAGATATTG CTCATTATAT TCGTCAACTT GAGTAGCCAA TAAATGATCT 7020
 TCTTCTTCAA GTTGTGCAGT TGTTTTTTCA CTAAACTAG AACTTAATTC ATAAGAATAG 7080
 5 TTTTGGTTCT CAAGATATTT AGTTAAATCA TTAAACGAC TCAAATTACT AGTATAAGTT 7140
 TGGTAATCTT CATGATGTTG GTAAAAATCT TCTTCAGTAC CAACATTGAT AAAATCGAAT 7200
 AGTGCTGTAA TTTCTTTATT ATTTTCTTCT AATTGAGCAT TTAAATGATT TAATTCATTT 7260
 10 GTAACAAGTT TGGTATTTTC AGCATTAAATA CGCCATTTTT CATTCGTGTC TTCAGCTGAT 7320
 TTCAACCATT GTtGCACATC GTGGAATAAA GATAATTTGT TGAAATAAAC AAATTGTGAT 7380
 TTTGTAACAG CTTCAGCATG ATTGTAGAAT GTATCTAATT CTTGAACCAA TTGCTGGCGT 7440
 15 TGTTGATTTA AATCACTGAT ATGTTGATCT AATGCTTTAA TATTCGCCAT TGTAGAAATA 7500
 CTATCAACAA TTAAATCATT TGAAATTTTA GATGATAAGT ATAATTCATC CTTAACGTTT 7560
 TCAACTGTGC ATTGTAATTC ATCATGACGC CCTTTCGCAT CATTTAAACG ACCTTCAATA 7620
 20 TACTGACGTT TCTCTTCTAA AATATCTTTA TTTTCAAAG CTTGTTGCCA GTGATCACGA 7680
 ATGCGATATT GCTCATCAAG ATCAAAATCT AAGTCATAAT TTTCATCTAA AATGGCTAGT 7740
 25 TGTGCTTTAA TTTCTTCGAT TTCATCTGTG ATGGCCTCGC TATAATCTAC TTCTTTTGAT 7800
 TTAGACATGA TGATACCGAT AACAAATACT AAAGTTAATA CTGCGAAAAT AATACCAAAC 7860
 AACATGTTGT TTGAAATAAA TGAGAAGGCA GTTAAACCAA TACCTACTAA TGTTAAAGr 7920
 30 ATAAACGTTG TTCGKAACAA TTTTGTGACGT TTTGTtTTT CTT 7963

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 169:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

35 (A) LENGTH: 3958 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 169:

ATATTGTCTT TACAATAGTT TGCTATGGAG GTAATTAACC AATAGGAGGA ATTTATAATG 60
 45 GCAGTAATTT CAATGAAACA ATTACTAGAA GCGGGTGTTT mCttCGGTCA CCAAACACGT 120
 CGTTGGAACC CAAAAATGAA AAAATATATC TTCACTGAGA GAAATGGTAT TTATATCATC 180
 GACTTACAAA AAACAGTGAA AAAAGTAGAC GAGGCATACA ACTTCTTGAA ACAAGTTTCA 240
 50 GAAGaTGGTG GACAAGTCTT ATTCGTAGGA nCTAAAAAAC AAGCACAAGA ATCAGTTAAA 300
 TCTGAAGCAG AACGTGCTGG TCAATTCTAC ATTAACCAAA GATGGTTAGG TGGATTATTA 360

55

	GAAGATGGTT TATTCGAAGT ATTACCTAAA AAAGAAGTAG TAGAACTTAA AAAAGAATAC	480
	GACCGTTTAA TCAAATTCTT AGGCGGAATT CGTGATATGA AATCAATGCC TCAAGCATT	540
5	TTCGTAGTTG ACCCACGTAA AGAGCGTAAT GCAATTGCTG AAGCTCGTAA ATTAAATATT	600
	CCTATCGTAG GTATCGTTGA CACTAACTGT GATCCTGACG AAATTGACTA CGTTATCCCA	660
	GCAAACGACG ATGCTATCCG TCGGGTTAAA TTATTAAGTG CTAAAATGGC AGATGCAATC	720
10	TTAGAAGGTC AACAAAGGCGT TTCTAATGAA GAAGTAGCTG CAGAACAAAA CATCGATTTA	780
	GATGAAAAAG AAAAATCAGA AGAAACAGAA GCAACTGAAG AATAATCAAC TGTGTAATCT	840
15	GACTTAGATA TAGTTTAAAT GGGTGATAAG ATATTAATGC TTATCACCTT TTTTAAAAAG	900
	AAAATCGAGG CAAATTACAA ATATTCAATT AGAGTATTGG CAATCTTGCC TATAATAATG	960
	CTAAAATCAT AATATATAAT ATGATAACTT ATTGGAGGAA TAATGAATGG CAACTATTTC	1020
20	AGCAAACTT GTTAAAGAAT TACGTGAAAA AACTGGCGCG GGTATGATGG ATTGTAAAAA	1080
	AGCGCTAACT GAAACTGATG GTGACATCGA TAAAGCGATT GACTACCTAC GTGAAAAAGG	1140
	TATTGCTAAA GCAGCTAAAA AAGCAGACCG TATTGCGGCT GAAGGTTTAG TACATGTAGA	1200
25	AACTAAAGGT AACGACGCAE TATCGTTGAA ATCAACTCTG AAACAGACTT TGTGCTCGT	1260
	AACGAAGGTT TCCAAGAGTT AGTTAAAGAA ATCGCTAATC AAGTATTAGA TACAAAAGCT	1320
	GAAACTGTTG AAGCTTTAAT GGAAACAACT TTACCAAATG GTAAATCAGT TGATGAAAGA	1380
30	ATTAAAGAAG CAATTTCAAC AATCGGTGAA AAATTAAGTG TTCGTCGTTT TGCTATCAGA	1440
	ACTAAACTG ATAACGATGC TTTCCGCGCT TACTTACACA TGGGTGGACG CATTTGGTGA	1500
	TTAACAGTTG TTGAAGGTTT AACTGACGAA GAAGCAGCAA GAGACGTTGC TATGCATATC	1560
35	GCTGCAATCA ACCCTAAATA TGTTTCTTCT GAACAAGTTA GCGAAGAAGA AATCAACCAC	1620
	GAAAGAGAAG TTTTAAACA ACAAGCATT AATGAAGGTA AACCAGAAAA CATCGTTGAA	1680
40	AAAATGGTGG AAGGACGTTT ACGTAAATAC TTACAAGAAA TTTGTGCTGT AGATCAAGmT	1740
	TCGTTAAAAA CCCTGATGTA ACAGTTGAAG CTTTCTTAAA AACAAAAGGT GGAAAACTTG	1800
	TTGACTTCGT ACGCTATGAA GTAGGCGAAG GTATGGAAAA ACGCGAAGAA AACTTTGCGG	1860
45	ATGAAGTTAA AGGACAAATG AAATAATCTG TCATAAAGTA AAACAAGGAA GAAGACACCT	1920
	TTAATGTTGC TTTATTAAAA TGTAAATCAT TCTAATAAAA CGACAACTGT GTCTTCTTTA	1980
	CTTGATATG TTACATATAT TCACGATAGA GAGGATAAGA AAATGGCTCA AATTTCTAAA	2040
50	TATAAACGTG TAGTTTGTGA ACTAAGTGGT GAAGCGTTAG CTGGAGAAAA AGGATTTGGC	2100
	ATAAATCCAG TAATTATTAA AAGTGTGCT GAGCAAGTGG CTGAAGTTGC TAAAATGGAC	2160
55		

	TTAGGTATGG ACCGTGGAAC TGCTGATTAC ATGGGTATGC TTGCAACTGT AATGAATGCC	2280
	TTAGCATTAC AAGATAGTTT AGAACAATTG GATTGTGATA CACGAGTATT AACATCTATT	2340
5	GAAATGAAGC AAGTGGCTGA ACCTTATATT CGTCGTCGTG CAATTAGACA CTTAGAAAAG	2400
	AAACGCGTAG TTATTTTTCG TGCAGGTATT GGAAACCCAT ACTTCTCTAC AGATACTACA	2460
	GCGGCATTAC GTGCTGCAGA AGTTGAAGCA GATGTTATTT TAATGGGCAA AAATAATGTA	2520
10	GATGGTGTAT ATTCTGCAGA TCCTAAAGTA AACAAAGATG CGGTAAAATA TGAACATTTA	2580
	ACGCATATTC AAATGCTTCA AGAAGGTTTA CAAGTAATGG ATTCAACAGC ATCCTCATTC	2640
	TGTATGGATA ATAACATTCC GTTAACTGTT TTCTCTATTA TGGAAGAAGG AAATATTAAA	2700
15	CGTGCTGTTA TGGGTGAAAA GATAGGTACG TTAATTACAA AATAAATTTA GAGGTGTAAA	2760
	ATAATGAGTG ACATTATTAA TGAACTAAA TCAAGAATGC AAAAATCAAT CGAAAGCTTA	2820
20	TCACGTGAAT TAGCTAACAT CAGTGCAGGA AGAGCTAATT CAAATTTATT AAACGGCGTA	2880
	ACAGTTGATT ACTATGGTGC ACCAACACCT GTACAACAAT TAGCAAGCAT CAATGTTCCA	2940
	GAAGCACGTT TACTTGTTAT TTCTCCATAC GACAAACTT CTGTAGCTGA CATCGAAAAA	3000
25	GCGATAATAG CAGCTAACTT AGGTGTTAAC CCAACAAGTG ATGGTGAAGT GATACGTATT	3060
	GCTGTACCTG CCTTAACAGA AGAACGTAGA AAAGAGCGCG TTAAAGATGT TAAGAAAATT	3120
	GGTGAAGAAG CTAAAGTATC TGTTGAAAT ATTCGTCGTG ATATGAATGA TCAGTTGAAA	3180
30	AAAGATGAAA AAAATGGCGA CATTACTGAA GATGAGTTGA GAAGTGGCAC TGAAGATGTT	3240
	CAGAAAGCAA CAGACAATTC AATAAAAGAA ATTGATCAAA TGATTGCTGA TAAAGAAAAA	3300
	GATATTATGT CAGTATAAAA CTAATATACA ATGACATATT AAAATGCCAG TATTAAACGA	3360
35	TAATGTAACA TTTAAAATGG GCATGTTTAA TTAAATCAAA GATGCATGTG ATAATTTAAA	3420
	TTCAGAATGA GCATAAAAAT GGTGTTTAAA CAAGTTAATT AAACATATAC TTTATAAATA	3480
40	ATAGGCATTA GGTATATTGC TATAATAAAG TTATGTAATT TTTAACCTCA GTATGTATGT	3540
	CACATTTCTG GTGTAACTG TACCGAGTCA GACTTTGGTA CAGTTTTTTT ATTTGCTTAT	3600
	TCAATGCATT AAATGAGTAT GATAAAATGA TAATGATTGT TTAGTAACTT ATACTATATG	3660
45	ACAGAGATGA TCAGGCTCGG AGGAAAGACC ATGTTTAAAA AGCTAATAAA TAAAAAGAAC	3720
	ACTATAAATA ATTATAATGA AGAATTAGAC TCGTCTAATA TACCTGAACA TATCGCTATT	3780
	ATTATGGATG GTAATGGGCG ATGGGCTAAG AAGCGAAAAA TGCCTAGAAT TAAAGGTCAT	3840
50	TACGAAGLAT GCAAACAATA AAAAAAATTA CTAGGGTAGC TAGTGATATT GGTGTTAAGT	3900
	ACTTAACTTT ATACGCCTTT TCCACTGAAA ATTGGTCAAG ACCTGAAAGT GAAGTAAA	3958

55

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 5333 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 170:

10 ATTAAACAA CTTAATATAC CTATTTATGG TGGTCCTTTA GCATTAGGTT TAATCCGTAA 60
 TAAACTTGAA GAACATCATT TATTACGTAC TGCTAAACTA AATGAAATCA ATGAGGACAG 120
 15 TGTGATTAAA TCTAAGCACT TTACGATTTC TTTCTACTTA ACTACACATA GTATTCCTGA 180
 AACTTATGGC GTCATCGTAG ATACACCTGA AGGAAAAGTA GTTCATACCG GTGACTTTAA 240
 ATTTGATTTT ACACCTGTAG GCAAACCAGC AAACATTGCT AAAATGGCTC AATTAGGCGA 300
 20 AGAAGGCGTT CTATGTTTAC TTTCAGACTC AACAAATTCA CTTGTGCCTG ATTTTACTTT 360
 AAGCGAACGT GAAGTTGGTC AAAACGTAGA TAAGATCTTC CGTAATTGTA AAGGTCGTAT 420
 TATATTTGCT ACCTTCGCTT CTAATATTTA CCGAGTTCAA CAAGCAGTTG AAGCTGCTAT 480
 25 CAAAAATAAC CGTAAAATTG TTACGTTCCG TCGTTCGATG GAAAACAATA TTAAATAGG 540
 TATGGAACCT GGTATATTA AAGCACCACC TGAAACATTT ATTGAACCTA ATAAATTA 600
 TACCGTACCG AAGCATGAGT TATTGATACT ATGTACTGGT TCACAAGGTG AACCAATGGC 660
 30 AGCATTATCT AGAATTGCTA ATGGTACTCA TAAGCAAAT AAAATTATAC CTGAAGATAC 720
 CGTTGTATTT AGTTCATCAC CTATCCCAGG TAATACAAA AGTATTAACA GAACTATTAA 780
 TTCCTTGAT AAAGCTGGTG CAGATGTTAT CCATAGCAAG ATTTCTAACA TCCATACTTC 840
 35 AGGGCATGGT TCTCAAGGTG ATCAACAATT AATGCTTCGA TTAATCAAGC CGAAATATTT 900
 CTTAECTATT CATGGTGAAT ACCGTATGTT AAAAGCACAT GGTGAGACTG GTGTTGAATG 960
 CGGCGTTGAA GAAGATAATG TCTTCATCTT TGATATTGGA GATGTCTTAG CTTTAACACA 1020
 40 CGATTACGCA CGTAAAGCTG GTCGCATTCC ATCTGGTAAT GTACTTGTTG ATGGTAGTGG 1080
 TATCGGTGAT ATCGGTAATG TTGTAATAAG AGACCGTAAG CTATTATCTG AAGAAGGTTT 1140
 45 AGTTATCGTT GTTGTTAGTA TTGATTTTAA TACAAATAAA TTACTTTCTG GTCCAGACAT 1200
 TATTTCTCGA GGATTTGTAT ATATGAGGGA ATCAGGTCAA TTAATTTATG ATGCACAACG 1260
 CAAATCAAA ACTGATGTTA TTAGTAAGTT AAATCAAAAT AAAGATATTC AATGGCATCA 1320
 50 GATTAAATCT TCTATCATTG AAACATTACA ACCTTATTTA TTTGAAAAAA CAGCTAGAAA 1380
 ACCAATGATT TTACCAGTCA TTATGAAGGT AAACGAACAA AAAGAATCAA ACAATAAATA 1440

	GCTTTTCTT TATATATGAT GAGCTTGAGA CATAAATCAA TGTTCAATGC TCTACAAAGT	1560
	TATATTGGCA GTAGTTGACT GAACGAAAAT GCGCTTGTA CAAGCTTTT TCAATTCTAG	1620
5	TCAGGGGCCC CAACATAGAG AATTTGAAA AGAAATTCTA CAGGCAATGC GAGTTGGGGT	1680
	GTGGGCCCCA ACAAAGAGAA ATTGGATTCC CAATTTCTAC AGACAATGTA AGTTGGGGTG	1740
	GGACGACGAA ATAAATTTTG AGAAAATATC ATTTCTGTCC CACTCCCGAT TATCTCGTCG	1800
10	CAATATTTTT TTCAAAGCGA TTAAATCAT TATCATGTCC AATCATGATT AAAATATCAC	1860
	CTATTTCTAA ATTAATATTT GGATTTGGTG AAATGATGAA CTCTTGCCT CGTTTAAITG	1920
	CAATAATGTT AATTCATAT TGTGCTCTTA TATCTAAATC AATGATAGAC TGCCCCGCCA	1980
15	TCTTTTCAGT TGCTTTCAAT TCTACAATAG AATGCTCGTC TGCCAACTCA AGATAATCAA	2040
	GTACACTTGC ACTCGCAACA TTATGCGCAA TACGTCTACC CATATCACGC TCAGGGTGCA	2100
20	CAACCGTATC TGCTCCAAT TTATTTAAAA TCTTTGCATG ATAATCATTT TGTGCTTTAG	2160
	CAGTTACTTT TTTTACACCT AACTCTTTTA AAATTAAAGT CGTCAACGTA CTTGATTGAA	2220
	TATTTTCACC AATTGCCACA ATGACATGAT CAAAGTTACG GATACCTAAA CTTTTCATAA	2280
25	CTGCTTCATC TGTAGTGTCT GCAACAACCG CATGAGTAGC GATATCACTA TATTCATTCA	2340
	CTCTATTTTC ATCATGGTCG ATGGCCATTA CATCCATGTC TAATGCATTC AACTCACGAA	2400
	CGATACTACC TCCAAAACGA CCTAGACCGA TGACTACATA TTCTTTACCC ATACTCGCCC	2460
30	TCCATTAAAT GATTTTCATC AATTCATTGA AAATATAAAT TTAAAATTAT TATAAATGAG	2520
	TACCCCAACT AAATTATCTA AATGCAGTAA TGCAAGTAAA TGAAAGTTGG GGTATCGTCT	2580
	CAACTTATGA TTTCTTTCCT TCAACATATT CTTTGTGCGA AACAAATAAT CTTAATAATA	2640
35	ATATTAACGA TGGAAGTAAT AAAAGTAAAC CTAAAATAAA GACAATCACT AATGTCCAGC	2700
	CCATTTCTGG ATTAACATAT GCATCTGTAA TTTTACAAA CGGATATAAA AGGTATGGCA	2760
40	ATTTACTAAT TCCATAGCCA AAGAACGCGA ACATCATTTG TAAAATAACA AATACAAAAG	2820
	CCAAACCATG TTTTCTCTTA AAGAATGTTA ACAATGAAGC TAATGCAAAG AATAAGAAAC	2880
	TTATACCAA CATCCACCAA TAGTCAAAAA CAGCTGAATA AAAATGTTCA GAATTTTGAA	2940
45	TGCGTAATGA TAGAAATACG AATAAACAAA TGATAATCAT CGGCGGCCCT AAAAATATGT	3000
	GCCATTGTCT TGTTAAATTA TATGCTGGTT CGTCATTGTC TTTTITAGCA TAATATGTCA	3060
	AAAATCCTGA TGAAATATAT AAAACTGAAA TAATTGCCAA GAATACTACA GACCAAGCAA	3120
50	ATGGGCTTAA TAATAACTGC ACCCAATCTA GATCGATAAC ATTGTTTCGA ACATTAATAT	3180
	AGCCACCTTC TGTAATAGTT AAAGCAGTAG ATAATGAAGC TGGAATTAAT AATCCACTTA	3240

55

	AACTGTTTCT CAACGATATC ATAATCAGTG CTATTGAACC TGGTATTAAC AATACCGTGC	3360
	CTAAATATTT GATTGACTCT GGAAAGAAAC CTACGAATCC TACGAAGAAG AAAACAAAGA	3420
5	ATACATTCGT AACTTCCCAA ACTGGGTTTA AATAACGTGA AATTAAGTGA TTAATTTTCT	3480
	TTTCATCACC AGTTAACTTT GAATGCAATG CGAAGAAACC TGCCCCAAAA TCTATAGAAG	3540
	CAATAATGAT ATAGCAAAAT AAAACAACC ATAACACTGT TATACCTATA AATGCATAAA	3600
10	TCATTTTTCT ATTTCTCCTC CTTGCTTCTT GGCTAAACGA TTTACATCTT CATACGCCGG	3660
	TTTATTTTTA AACATACGAA TTAATACGTA TGCACATGTA TACATTAAAA TGATGTACAA	3720
	TATGCCAAAT AAAATTGTAA CGAaGGTTAT TCCGCCTGCT TGTGTTGCTG CTTCTGCCAC	3780
15	GCGCATATAA CCACGAACAA TCCAAGGCTG TCTACCCATC TCTGTTAAGA ACCATCCAAA	3840
	TTCTATAGCT AGCATTGAAG CTGGGCCTGT TAATAATATT CCATAAAGCA TCCATTTATG	3900
	AGTAGAAAAC TTTCTAAGCT TTTTAAACAT TAAAGTTAAG ACATAAACAC CTGAAATGAC	3960
20	AAAACATAAA ATTCCCATCG TTACCATTAA ATCAAAGAAA TAATGGACGA TCATAGGCGG	4020
	ATGTAAACTT TTTGGAAAAT CATTTAACCC TTGTACTTTA GTTTTGACAC TATTATCTGC	4080
25	TAAGAACTC AATAGTCCAG GTAAATTCAAT CGCACCTTTA ACTTGCTGAG TCTTTTCATC	4140
	TAACACACCA AATAATAATA ATTTGGCATG GGAAGATGTA TCGAAATGCC ATTCATAAGC	4200
	TGCTAATTTT TCAGGTTGGA ATTTATGCAA AAATTTTGCA GATAAATCCC CTGCCAACAT	4260
30	AGAAAGTAAT GTTGAAAAGA ATCCAACAT CATAGACATT TTCAAAGCTT TCTTATGGTA	4320
	GACAGTATCT TTAGGTTGAC GATTACGCAA TAATTTAAAA GCTGCTATTG ATGCAATAAC	4380
	AAATGCCATC GTCATACCGG CTGTAGTAAT TACGTGAAAT GATCGAACTA TAAACGATGG	4440
35	GTAAACATC GCTTCTATAG GTTGAACATT GACCATCTTT CCATTCTTCA ACTCAAACC	4500
	TGCA G GCGTA TTCATAAATG AATTCACTGA AGTAATGAAG AATGCTGAGA AAGAGCCACC	4560
	AATAATTACT GGTATACTAA TTAAGAAATG TGTCCATTTA TTTTAAAAC GATCCCAAGT	4620
40	ATATAAATAT ATACTTAAGA AAATAGCTTC AAAGAAGAAC GCAAATGTTT CCATAAATAA	4680
	TGGAAGTGCA ATAACGTGTC CACCCATTTC CATAAATGTA GGCCAAATCA ATGATAATTG	4740
45	AAGTCCTATA ATTGTACCTG TAACAACTCC CACTGCTACA GTAATTGTAT AAGCTTTAGC	4800
	CCATCTTTTG GCCATAGCTA TATATTGAAG ATCATTTTTG CGAATACCTA AAAATTCTGC	4860
	AATTGCGAAC ATTAAAGGCA TACCAACACC AATCGTTGCA AAAATGATAT GAACTGCTAA	4920
50	AGTCATAGCT GTCAAAAACC GACTGATTTC AACTGTATCC ATTTAAAAAC ATCACCTTTT	4980
	TCTTTTTTTG ATGACAACAC AATGAACCTA ATTATAATTG CTATAATGTG TATTTTTTAA	5040
55		

GAATTTCAAT GTATAATTGT GTATATTACA TTAGAATAAA GCACGAAGGA GCATGATACA 5160
 TGTCAGAAAT AATCGTTTAT ACGCAGAATG ATTGTCCACC TTGTACATTT GTAAAAAATT 5220
 5 ATCTAAATGA GCATCACATT GATTTTGAAG AGAGAAATAT CAACAATCAA CAATATCGAA 5280
 ACGAAATGAT AGATTTTGAT GCTTTTTCAT CTCCGTTTAT TTTGTTGAAT GGC 5333

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 171:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 11126 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 171:

ATACGTGACC CTTTATCCGA AAATTTCTTT TCATATTCTG TTAAATATT ACTGCCATCG 60
 TCTTCTTGAT GTAAATTTAG ATTTATTTTT GTAAATACA TTCCAAATTG AGACATACTT 120
 TCTAACTGT AGGCAAATAG TCCTCTGTTA TCAGTTTTAA AATGTAAATC TCCTTCATCA 180
 25 TTTAAGATTT GTTGATACAA CGCTAAAAAC GTATGATACG TTAAACGTCG TTTTGCATGA 240
 CGATTTTTTG GCCATGGATC TGAAAAGTTC AAATAAATAC GCGAAACTTC GCCGTCTTTA 300
 AAATATTCAT TTAATTCAAT GCGGTCATTA CAAATAATCT TTAAATTTGT TAAACCCATC 360
 30 TCTTTAACTT TATCCAATAC TTTATAAAGC ATACTTTTCT CACGTTCCAT TGAAATATAG 420
 TTAATATGAG GATTTTGAGC AGCTAATGTT GTAATAAACT GCCCCATACC CGAACCAATT 480
 TCAATGTGTA TCGGTTGCGT TTTATCAAAC CATTCAGTCA TTTTCCCTGc ATGTTGACCG 540
 35 TCCATGTCAA CCAATTCAGG ATGATCTTTT AAATAATCTT CAGCCCATGG TTTGTATCGA 600
 ACTCTCATAT TTTATTCTCC TCTTAAATAA ACATGTTACT ATTCATAACT TCATTTAGGA 660
 ATTTAAGCCA AGTGTTTATA TCCTTATATC TTTTGTGCTC TTCATACCAT TGAACAAGAC 720
 40 CTATAGATTG AATTACCGTA TACCATTICA TACGTTTATT TAAATTCAAG CTCTCTTGAA 780
 CACCATATGT TTCAAGCCAT TCAGACCATT GTTGTTGTGG AACATAGTTG TAAAGCAGCA 840
 45 TTCCGATATC AATTGCCGGG TCTGCAATCA TTGCACCTTC CCAATCAACT AAAAATAGTT 900
 CATCTCGATC GGATAATAAC CAATTATTAT GATTCACATC ACCATGTACA ACAGTGAAAA 960
 AACGCGAATC TAACTCGGT ATATGCTCTT CTAAATAGGT TAATGATTTT CTCACAATAT 1020
 50 GATGTGTTAA AACTTCTCTT GATAAAGAGG CATTAAATTT ATTAAGCATA ATCTCAGGAG 1080
 TAATAGGTTT CATTTCCATA CGCTTTAACA TACTTAATAA AGGTCTAGAA TTGTGTATCT 1140

	TTTTCCAATG TTGTGCTGTA ACAACCTCGC CTGTTTCTAT GCGTTTCGTC CATACTAATT	1260	
	TGGGCACAAT ACCTTCTGCT GATAATGCCG CAATAAAATGG ATTTGAATTT CGTTTTAAAA	1320	
5	ACAACCTTTG TCCATCTTGT TCAGCCATAT ATGCTTCACC AGATGCACCA CCTGCTGAAT	1380	
	CAAGTGTC CACTAATTGA TAAACTGCT CCAACTCGTC CACCTCACTT TCAATTAGAA	1440	
	AATGGCTCTA GAAATAGGTT TTTCAAGAGC CATATATTCT AATTTATAAC ACCATACTGG	1500	
10	TACAAATATT ATGTCCAGAT AATTATTGTA AATCCTCAAC CAATGCCTAC ATTACACGAC	1560	
	TAAATTTAAA TCGTAATGTC TGTCATTGAC ACCATACATT CTATAGTCAC TTACTTGACA	1620	
15	TATAATGTTA CCGTGTCTAA AACTACATGT TTTTGAATCT CTGTAGGCCA TAAACTCTAG	1680	
	TTTTCAAAAT AATTGCTATC CCATTTTCAT GGTTAGCATA AATTTATGAA CTGTAACATT	1740	
	TACGTACTTA GTAAATATG ATGCACATCA TATTTGTAC TCATAGAAAA TTTTATAATT	1800	
20	TTTATCATT AATTTCAACT GAAAATGAGA AACAAAATGG CACTTTTTTAC TAATATGTGT	1860	
	TTTCTAAACA AACTTTTTAA GCTTCGTTTT AAATTATAAC ATAATTCATT TACGAAAGTT	1920	
	GATAAATTTA AGTAATTTAA TCTAAAATA TGATGAAAGA ATTTTAAATA CTGTGTGACT	1980	
25	CTATATACTT TTCAAATCCT TCTTGTAGTT GACGTGTAAT TGGGCCAACT TTACCATCAT	2040	
	TAACTGGTTC ACCATCTAAT TTAATAACAG GTGTAACCTC AGCTGAAGTA CTTGAAACAA	2100	
	TAACTTCATC TCGTTTTTTC AAGAAATCTA CAGTAAACGT TTCTTCTTTA AATGGGATGT	2160	
30	TATAGTCTTC GGCAATTTTT TTAATTACAA TTCGTGTAAT ACCATTAAGA ATATAGTTGT	2220	
	TAATCGGATG TGTATAAATC ACACCGTCTT TAATTGCATA AGCATTACTT GAAGATCCTT	2280	
	CAGTTACAGT TCACCTCGA TGTGAATTG CTTCAACTGC ATTATATTTC ACAGCATATT	2340	
35	CTTTTGCTAA TACATTCTCC TAATAAGTTC AAGCTTTTAA TGTCGCAACG TAACCATCGG	2400	
	ATATCTTCAA CGGTAACACC ATTCACACCA TTTTCTAAAT GATCATAAGG ACGATCATAA	2460	
	TTCTTTGTAT AAGCAACAAT TGCTGGTTCT ACTTCAGGTG TCGGGAAGCT ATGATTCCTT	2520	
	TCAGCTACAC CACGCGTTGC TGAATATAA ATTGCCCCAG TTTCAATTG ATTCATATCA	2580	
	CTAATTTAC GAGATAGTTC AATTAATTCT TCTACAGAAT AATTTAAATC TAAACCAATC	2640	
	TCATTGGCAC TACGTWAAW TCTTTCATAA TGTTCTGTTA CTGTAAATAA CTTACCATTA	2700	
	TACTCGAA TGTATTCATA AATACCATCG CCAAATACGT ATCCTCTGTC GTTGATGAA	2760	
	CCTTTGCTT CACTTGGACT TACAACTCA CCATTTAAAA AAATTTTTTC CATATATTAT	2820	
	CCCTCCAGC ATAATGAATA AATGCTTCT AAGTAAATAC TAGTTGCGTT AAATAACTGT	2880	
	TTTGTAGTA TATATTCATT TTTCTGATGC ATTAAATCTT CAGAATCACT AAACATTGCG	2940	

	TCAGTCATAT CATTGTGTTG ATTTCTATAT GCAGTAACTA ACTTTTGTAC AAAAGGATCA	3060
	TTTTTATCAA CATAATGTGG TGGTTGGACT TTACCTAATT TCACTTCAAA GCCATATTGT	3120
5	TGAATCTCAT TTGCAAAACG ATCCATAGCT TTTTCAAATT CAAATCCTTC TGGGTAGCGT	3180
	AAGTTGATAC CGAAAAGACC TGCCTTTTCA TTATCATATG TAATAACACC AATGTTAGTT	3240
	GTCACGTCAC CCATGACATC TGTATGGAAT TTCATTCCCA TCTTTTCACC AAAATCTGAA	3300
10	TTAAATAAGT AGCGATTACT AAATGCTACA AACGCTTGTG CATTATTATC AAGATTTAAT	3360
	GATGCTAAGA ATTTTAGTAA GTAAAGACCC GCATTACACAC CGATAGATGG ATCCATACCA	3420
	TGAACCGCTT TACCTTCAAC TGTTAAACT AGAATGCCAC TATCAACAGT ACTATCACCT	3480
15	TGTAAATGAT TTTGTTCTAA AAAGTACTCA AAGTCTTGAA TAACATCTGT CATATTTTCT	3540
	TTAACAAGCA CTCTTGCTTC TGCATGATCA GGTACCATGT TGTAACGTTT ACCAGATTTA	3600
20	AAAGTTATTA ATTCATAATC AGGTTTCTCT TGATCTTCAG TAAGTTTATT TTGAACTAAA	3660
	TCAATGTTG TAATGCCTTT TTCACCATGA ATACATGGAA ATTCTGCATC TGGTGCAAAA	3720
	CCTAATGTTG GCATTTCTTC TGTTTTAAAA TAGCGATCCG TACATTTCCA ATCAGATTCT	3780
25	TCATCCGTAC CAATAATCAT ATGAATACGT TTCTTCCAAT CCACATTCAT ATCTTCTAAT	3840
	ATCTTAATTG CATAATAAGC AGCAATTGTT GGACCTTTGT CATCAAGTGT ACCTCTAGCT	3900
	ATGATAGCAT CTTCTGTTAC AACC GGCTCG AACGGATTAC TATCCCATCC ATCACCAGCA	3960
30	GGAACAACGT CAACATGACA TAAGATACCT AATACGTCAT TTCCTTTACC TGCCTCAATT	4020
	CTTCCTGCAA TATGATCCAC ATCATGTGTT GTAAATCCAT CTCTATGTGC AATTCATAC	4080
	ATGTAGTCTA ATGCCTTACG AGGACCTGGA CCAACTGGTG CGTCTTCTGA TGCTTTTGCA	4140
35	TCATCTCTCA CACTTTCAAT TGCTAATAAT CCTTTTAAGT CATTAAATGAT TTGATCTTCG	4200
	TATTGTTGAA CTTTTTCTTT CCACATTGCA AATCGACTTC CTTTTTCTA TAAGTTAAAT	4260
40	TCTATTTTAC ATGAAAAGAT ATAAAACTA CAATAAGATG TCAGAAAATA ATAAAAAGGA	4320
	ACAAAACGAT GCTATTGATA TGACACAAAT CATAAATAGC TGCTTTGTTC CTTTTTTAAT	4380
	TTATATATTT AAAATACACA TATTCAAGAG CTCGAGATAT AAGTCAATGT ACTAGGCACA	4440
45	CAATTTAATA TTGACAGTAA TTAACCGAAC GAAAATGCGC CCCGGGGCCC CAACATAGAG	4500
	AATTTGAAA AGAAATTCTA CAGACAATGC AAGTTGGCGG GGCCCCAACA TAGAAGCTGG	4560
	CCAATAGTTA GCTTTCATA ATGTGCAAGT TGGGGTAAGG GCCCCAACAC AGAAGCTGGC	4620
50	CAATAGTCAG CTTTCAATAA TGTGCAAGTT GGGGTAAGG CCCCAACACA GAGAATTTCTG	4680
	AAAAGAAATT CTACAGACAA TGCAAGTTGG CGGGGCCCCA ACACAGAAGC TGGCCAATAG	4740
55		

	TAAAGAAATA CGTTTTCTTT AGATATTAGT ATTTCTTATG AATGAGTTTC ACGCATGTAT	4860
	TCTTCTTTCT ATATGCATAT TAGCTATGAC TAACGATAAA GAACCTGAAA CACTAATAAA	4920
5	TGTCCTATAG TTTACAATAT TATATTGGCA GTAGTTGACT GAATGAAAAT ACGCTTGTA	4980
	CAAGCTTTTT TCAATTCTAG TCAACCTTGC CGGGGTGGGA CGACGAAATA AATTTTGCTA	5040
	AAATATGATT TCTGTCCAC TCCCTTATCA TTTCTGTCCT ACTCACATCT TATTCTTTAT	5100
10	CAGATAATGC ATTTTATTTC TTTTAAAT CTCTTCAGT GACGATACGT AAATTATTAT	5160
	TTGGTGTGCG CCACCTTCAT CATCAAATTT ACCTTTTCA ATACTTTCGT CAGTCTTATT	5220
	GTCATATTTC GTAAATTTTG ATTTTCTTC TTTGAAAAAT GCTTTTGGAT TATTTTTTAA	5280
15	TCTATTAGCA TATTCTTTCG GATTGTGTTT TACTTCTTAA ATTGTTTCAT TAGCAATTGT	5340
	TCCTAATTGC GTCGCTTAT CCTTAGCATT ATCTTTATAG CTTTGAGGAT CTGTTTATA	5400
	TTTATTATAT TCCTGCTTTC AGCTGTGAC GACTATCTTT ACGTGTAACA AGTACAGCTG	5460
20	CTACAGCGCC ACCTATACCT AAAATCGCTT TAAATAAATT ACCTTTTGCC ATATCAATCG	5520
	TCTCCCTTTT ATTTATAATT TAATTGTGCA AAATCATTTT CAGTTAATAA ACGATATTCT	5580
25	CCTGAATCTA AATTGCTGTC CAATTCTAAA TCAGCAATTT TGATACGTCT TAAATGTAAT	5640
	ACCTCATTTT GAATGCTATG AAACATTGCT TTAAGTTGAT GATATTTTCC TTCATAAATT	5700
	GTTACGTGTG ACGTTTGATT ATCAATATAA GTTAATATTG CAGGCTTAAC CTGCCATCA	5760
30	GTCAGTGTA CACCTCTTT AAAAGCTTGA ATGTCGTCTT CAGTGATAGG ATTGCTGAA	5820
	ATAACTTCAT ATTTTTAGA AACATGTTTG TTTGGACTCA TTAATTCATG ATTAAATCA	5880
	CCATCATTTC TTATCAATAA AAGCCCTTCT GTATCTTAT CAAGACGACC AACCGGAAAA	5940
35	ATATTTAGAT GTTGGTATTC AGGTATTAAA TCAATAACGG TTTTGAATG ATGATCTTCA	6000
	GTTGCTGATA TATAACCTTT TGGCTTATTT AACATAATAT AGACATTTTC AATGTATTCT	6060
	ATTAATTCTC CACGAAGTGT TATCTTATCG TTTCTGGTT CTATATGTGT TTTGGTGAT	6120
40	TTAATTACTT GTTCGTTGAC ATTTACAAGG CCTTTTAA GTAAGTGTG GACCTCATTA	6180
	CGTGTACCGA CGCCCATATT TGCTAAAAAT TTATCTATTC TCATCGTAAA AACCTAACTC	6240
45	TACGTCTTAA TTTTTCAGGA ATTTACCTA AGAATTCGTC CGCAAGACGC GTTTAATTG	6300
	TGATTGTACC GTAAATTAGA ATACCTACTG TAACACCTAA AATAATAATG ATTAAGTAAC	6360
	CAAGTTTAGT AGGTTCTAAG AATAGATTTG CAAGGAAAAA TACTAATTCT ACACCTAGCA	6420
50	TCATAATAAA TGAATACAAG AATATTTTTC CAAATGAAT CCAACTATAG CTGAATTTAA	6480
	ACTTCGCATA TTTTAAAGA ATATAGAAAT TACATCCAAT TGCAAATAAT AATGCGATAC	6540
55		

	ACTTGATAAC TACAGAAGCT AAAATAACAT AAAGTGTAA TTTCTGTTA TCTATACCTT	6660
	GTAACATTGA TGCCGTTACA CTTAATAGTG AAATTAGTAT TGCTACAGGC GCATAATAGA	6720
5	ATAATAAGCG ACTACCATCA TGGTTAGGGT CATGACCTAA AACAATTGGA TCGTAACCAT	6780
	AGAAAAGTGT GAATAATGGT TGTGCCAAGG CCATAATTCC AATACTAGCT GGAACAGTTA	6840
	TAAACATTAA TACACCAATA GATGTTCTAA TTTGATGATG CATTTCATGT AAGCGACCTT	6900
10	CTGCAAATGT TTTTGTAAATA TAAGGAATTA AACTCACTGC AAAACCAGCA CTTAATGATG	6960
	TCGGAATCAT TACAATTTTA TTAGTTGACA TATTTAGCAT ATTAAAGAAT ATATCTTGTA	7020
	ACTGTGAAGG TATACCAACT AAAGATAAAG CACCGTTATG TGTAATTGA TCTACTAAGT	7080
15	TAAATAATGG ATAATTCAAA CTTACAATAA CGAACGGTAT ACTATAAGCA ATAATTTCTT	7140
	TATACATCTT GCCATATGAC ACATCTATAT CTGTGTAATC AGATTGACG ACCATACGATCAA	7200
20	TATTATGCTT ACGCTTTCTC CAGTAATACC AGAGTGTGAa TATACCAATA ATCGCACCAA	7260
	CTGCTGCTGC AAAAGTAGCA ATACCATTGG CTAATAAAAT AGAGCCATCA AAGACATTTA	7320
	GTAATAAATA ACTTCCGATT AATATGAAAA TCACGCGTGC AATTGCTCA GTTACTTCTG	7380
25	ACACTGCTGT TGGCCCCATA GATTTATAAC CTTGGAATAT CCCTCTCCAT GTCGCTAATA	7440
	CAGGAATAAA GATAACAACC ATACTAATGA TTCTTATAAT CCAAGTAATA TCATCGACTG	7500
	ACCAACCGTT TTTATCATGA ATGTTTCTAG CTAATGTAA TTCAGAAATA TAAGGTGCTA	7560
30	AGAAATACAG TACCAAGAAA CCTAAACAC CGGTAATACT CATTACAATA AACTCGATT	7620
	TATAAAATTT CTGACTTACT TTATATGCCC CAATAGCATT ATATTTGCA ACATATTTG	7680
	AAGCTGCTAA TGGTACACCT GCTGTGCGAA CTGCAATTGC AATATTATAT GGTGCATAAG	7740
35	CGTATGTGAA CGGCGCCATA TTTTCTGTC CACCAATTAA ATAGTTGAAT GGAATGATaA	7800
	AAAGTACGCC CAATACCTTG GTAATTAATA TACTAATGGT AATTAAAAAG GTTCCACGCA	7860
	CCATTTCTTT ACTTTCACTC ATTACGAATC TCCCTATCTC ATGTTTATTA AAGTTTGTGA	7920
40	AACTAAAAGC TGTTTCTCTG TAAATCATT TTTCATTATT ATGAATATAT CACAAAACCTT	7980
	TATTTTCATTG TCGTATATT C AATGAATTAT CATAACAAA TTATCAACAC ATTGTCATTG	8040
45	AATACTAGAT TTTGATTAGA ATATTACGAA ATTTTCATATA AACATTATAC TACTATTTGA	8100
	GATGAACATC GCATAACAGT AGAAAAATCA TTCTTATCAT ACACATACAT CTTCAATTTT	8160
	TATGAAGTTC ACATTATAAA TATATTCAAC ATAATTGTCA TCTCATAACA CAAGAGATAT	8220
50	AGCAAAGTTT AAAAAAGTAC TATAAAATAG CAATTGAATG TCCAGTAACA AATTGGAGG	8280
	AAGCGTATAT GTATCAAACA ATTATTATCG GAGGCGGACC TAGCGGCTTA ATGGCGGCAG	8340
55		

	GTAAACTCAA AATATCTGGT GCGGGTAGAT GTAACGTAAC TAATCGATTA CCATATGCTG	8460
	AAATTATTAA GAACATTCCCT GGAAATGGGA AATTTTTATA TAGTCCCTTT TCAATTTTGT	8520
5	ATAATGAATC CATCATAGAT TTTTTGAGT CTAGGGGTGT TAAATTAAAA GAAGAAGATC	8580
	ACGGGCGTAT GTTCCAGTT TCCAACAAAG CACAAGACGT GGTGATACA TTAGTGACAA	8640
	CTATCGAACG CCAACATGTA ACGATTAAAG AAGAAGAAGC TGTTAGTAGA ATCGAAGTTA	8700
10	ATACAGACCA AACTTTCACT GTACATACTC AAAATAATAG TTATGAAAGC CATTGCTAG	8760
	TGATTGCTAC AGGTGGTACA AGTGTCCCTC AAAGTGGTTC AACTGGTGAT GGTATAAGT	8820
	TCGCACAAGA TTTAGGTCAT ACCATTACTG AGTTATTCCC GACCGAAGTT CCAATTACAT	8880
15	CAGCTGAACC TTTCATCAAA TCCAATCGTC TAAAAGGTTT AAGTTTAAAA GATGTTGAAT	8940
	TGTCAGTACT TAAGAAAAAT GGTAAAAAAC GCATCAGTCA TCAAATGGAT ATGTTATTTA	9000
20	CTCATTTTGG TATCAGTGGT CCAGCTGCAT TAAGATGTAG TCAGTTTGTT TATAAAGAAC	9060
	AAAAAATCA AAAGACACAG CACATTTCTA TGGCAATCGA TGCATTTCTT GAATTAAACC	9120
	ATGAACAATT AAAACAACAC ATCACATCAT TATTATCGGA CACACCAGAT AAAATCATT	9180
25	AAAACAGTTT GCATGGTCTA ATTGAAGAGC GCTACTTACT GTTCATGCTG GAACAAGCAG	9240
	GAATCGATGA AAATACCACA TCACATCACT TATCAAATCA ACAATTGAAC GACTTAGTAA	9300
	ATATGTTTAA AGGGTTTGTA TTAAAGGTGA ACGGGACATT ACCTATAGAT AAGGCATTTG	9360
30	TCACAGGTGG TGGTGTGTCA CTAAAGAAA TTCAACCTAA AACAATGATG TCTAAATTAG	9420
	TTCCGGGATT ATTTTTATGT GGTGAAGTAT TAGATATACA TGGTTATACT GGTGGTTATA	9480
	ATATTACAAG TGCACTCGTA ACAGGACATG TCGCTGGATT ATATGCCGGA CATTACTCAC	9540
35	ATGCATCAAT GGAATAATAG TATAAAATTT GGTTCGATTC TCTTTAGTAG ATCAACTTTT	9600
	TCATTCAAAT AAAAATGACC TTAATATAAC TGAGTCACTA AAAAGTGTCT TTATATTAAG	9660
	GTCAATTCGT TAATTATGAT TCTTTTTCGT TTTTAGTACG TCTTCTAGCT AACAAAGCCG	9720
40	CACCTGTAAT CAGTGCAAAT TCTTTCAATG GTAAATCCAT TCCTTCAGAA CCTGTATTTG	9780
	GAAGTTCTTT TTCAACTTTG CGCGATTCAT GTGTCTCTTC TTTTAAATA GCGGTACAAA	9840
45	CTTTTGGAGC TGGCTGAATT TCTTTTGGTG ATACTTTCGT CGCTTCAGCT GGTAATTTAA	9900
	TTGCTAAAAT TTCATCAACA ATGAATTGCG TGTGTTGTTT GATGTCATTT AATGTCGCAT	9960
	CTTCATCAAT CATTCTATTG CCATCTGCAA CATATTGATC AATTAATACT TTTACTTTAG	10020
50	CTAATTGTTT TGGTGTGCG ATCGCTTTGA ATTTGCGATA TGTTTGTGA GCAATGTTAT	10080
	CAATTCGCAG TAAGCTATTT TCTTTTTCAG TAATTACTGC TTCTATATCG CTTAATGCAA	10140

55

CATCCATTG TAATTTTAAA GCAGTTATAG CTTTAAATGC ATCAGCCTTA TTACGATTAC 10260
 TTACTTTTCG ATAATTTTGC ACTAAAGCAG TGACGCGTGC AAGATCATCA TTAATCGTTT 10320
 5 TTTCAGCATC TGGCTTTTAA ATAGGATGTA CATCTAAATC ATGTATTGTT TGTAGATTTA 10380
 ATGATGCTGT TTTATCAACT TGTGCATTGC TACGATCTTG ATCAATTGTT CCAATAGCAG 10440
 TGTCAATAAT ATTTTGTAAC TGTGCTAATA TACTATTTCT TTCTTCTACC GTTGCTTGAA 10500
 10 TATTCGCTTC AATTGCTTGT TTTTATCGT TGAATAATGT TGTCAATTGT TCTCGAGCAG 10560
 ACGCCTTTCT GTTAATAACA GGTTCGATTT CACGAATTTT GTTTTCTCA TCATGCAATA 10620
 AATATGCCAC ATCTGCATTA GTCACGAC TAGCAATTG TTGTTTAGCT TTAATTAAC 10680
 15 CTTTTTCAAC TTGTGCTATT GCAATATTTT GTTCTTCATC TGTCGCTTCG TTATTGCTT 10740
 TAATTAAATT AATTTATTT GTAGCGATAT TTTGAATTTG TTGTAATGCT GTTGCTTTAA 10800
 CTGTTGTCGC TGGTTAATT TTTGAAATAA TATTTTGAGC ATTTATACTA TCTTGATTAA 10860
 20 CTTGGGCAGT CTTATCTGCA TGATTGATCT GATCAATAGC CTGATTAAGT GCTTGTTCTA 10920
 CTAAATGTTT AGCAGCTAGT CTTTCTTCTT CAGTTGATAA ATCGCTTTGA TCGATTAGTG 10980
 25 CATTTTGAGC TTCGGCTTTT ACACCAACAG ATTGACGCGC TGCTGGTTTA ACTGAACTT 11040
 TAGGTAAAT CACTTTGATG TTGTCGTTGC CATCAGTCn AGTnCGATCC ACTTCTGCAT 11100
 TCGTTTTGTT TTGTGCAATG TCATT 11126

30 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 172:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3660 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 35 (D) TOPOLOGY: linear

40 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 172:

TTGCCCCGCA CGGCGGTGTG nTTCCTAGAA ATAATGAATA TAAAGaGAAA TATATAACAA 60
 CGATTTTGAA TTATGAACCT GGTGATATCG TTACAATCAA ACGTGTGAGA GATAAGACCG 120
 45 ATTTGCTAAT ATATTGTCT AGTAAAGATA TTTCTATTGG TAATGAAGTG GAAATTGTAT 180
 CGAAAGATGA AATGAATAAA GTAATTATCA TTAAACGTAA TGATAATGTA ATTATTGTCA 240
 GTTACGAAAA TGCAATGAAC ATGTTTGCTG AAAAATAAAA TAAAGAAGCC ATAAAGATAT 300
 50 CCATGATTGA ACTGATAAAG ACATATGGAT AATTGCTTTA GGCTTCTTTT TTATTAGTTA 360
 ATTTATCAAG TGAGTATATT TGAGTAAAT ATTCAGTCA TAAAGATTGA AGATAATCCA 420

55

	CTGTGGACTC GGACGCTGGA AAGTCAATTT AGCAATCGTC CAACTAGATT GTAGAACTTC	540
	GCCTAATAAT ACACCTAAAA TATATTGATA ACTCATTGTG ACAAGTAGTT GAATTTCTAC	600
5	TATATTTTCA TCTTTTAATA TAAAATACAA CATGATAGAA ATTAAAGTTA TAACAACAAT	660
	GGGTGAGCCT TTTCTAGATG TTAAAATTAA AAAATAAATA AATATCAATA AATAGGTAAA	720
	TATAAAGAAA CTAGGTATCT GATAATGGCT CGACGCTAAA CCTATCAATA ACATAATAGG	780
10	TGGCATAAAA TAACCACCAA TCGTTGTAAG CCATTGGCCT GCTAGATGTC TAGATTGTGT	840
	AATTGCGAAT CCTTGTGTGA ATGTCTGTGTG TCGCTCTCGT GGACTTGTTA CAATGACTAA	900
	ATCTTTTGCA CGGCCACCAG CGAGTTTATT AAACAGTACA TGACCAAATT CATGTGTAA	960
15	AACAGGGATA TAGTTTAAAA TGACATCTAA ATAGTTCAAA ACAGGCTTAT GTCTATATTG	1020
	ATGAATAGCA ATATAACAAG CTGCAACAAT AACGATAATG TATATATTAA GTTGAATTGT	1080
20	CGTATTAAAA AAGTTTGATA AATAATTCAT TGTTAACCTC ATATAAGATA TTAATTTAAA	1140
	GTTTGCTTAT CACTTATTAT AAATGATATT GGCATCAATA GCGTTAGACT TTAGACTTAC	1200
	CTTAGTTAAA CTAATTTTAA TTTTGTAAAA GGTGAATATG TGTAAAATA AAGCAAAATC	1260
25	ATTCGATAT AAATAGGATG AATATAAATA CTGTTAATAT TGATTACACT AACATAATA	1320
	TGAAATAAGA TAGGAGATTC CTGTTATGAC TGTGAAGAA AGATCCAATA CAGCCAAAGT	1380
	TGACATTTTA GGGGTCGATT TTGATAATAC AACAATGTTG CAAATGGTTG AAAATATTAA	1440
30	AACCTTTTTT GCAAATCAAT CAACGAATAA TCTTTTTATA GTAACAGCCA ACCCTGAAAT	1500
	AGTGAATTAC GCGACGACAC ATCAAGCGTA TTTAGAGTTA ATAAATCAAG CGAGCTATAT	1560
	TGTTGCTGAT GGGACAGGAG TAGTCAAAGC TTCGCATCGT TTAAAGCAAC CTCTAGCGCA	1620
35	TCGTATACCT GGTATTGAGT TGATGGATGA ATGTTTGAAA ATTGCTCATG TAAATCATCA	1680
	AAAAGTATTT TTGCTAGGGG CAACTAATGA AGTTGTAGAA GCGGCACAAT ATGCATTGCA	1740
40	ACAAAGATAT CCAAACATAT CGTTGCACA TCATCACGGT TATATTGATT TAGAAGATGA	1800
	GACAGTAGTG AACGhAnTTA AACTGTTTAA ACCTGATTAC ATATTTGTAG GTATGGGATT	1860
	CCCTAAACAA GAAGAATGGA TTATGACACA TGAAAACCAA TTTGAATCTA CAGTGATGAT	1920
45	GGGCGTAGGT GGTCTCTTG AAGTATTTGC TGGGGCTAAA AAGAGAGCGC CTTATATCTT	1980
	TAGAAAATTA AACATTGAAT GGATATATAG AGCATTAAATA GATTGGAAAC GTATTGGTAG	2040
	ATTAAAGAGT ATTCCAATAT TTATGTATAA AATAGCCAAA GCaAAAAGAA AAATAAAAAA	2100
50	GGCGAAATAA TCATGATGAC AAAAATAAAA CCGAGGAAAT CCTTAAATGG AGATTCTCGG	2160
	TTTTTTCGGT TTATTTAATA ACGAAGCGGG ACTCATCGAG TTTGTTTCTA AATTCTTTTT	2220
55		

	CATCAAGTTC ACCGTAATCT TTTAACTTTC CGCCTTCAAT CCAAGCAATC TTAGTACAAA	2340
	ATTGTCTCAC TTGTCCTAAG TTATGACTAA CGAAAAAGAT GGTTTTGTTT TGCTCTTTAA	2400
5	ACTCGTAAAT TTTATCTAAA CATTTTTGTG CAAAAGTTG GTCACCTACA GATAAAGCTT	2460
	CGTCAATGAC TAAGATATCT GGATTAAGTG TGATATTAAT TGAAAAACCA AGTTTTGCAC	2520
	GCATACCACT TGAATACTTT TTAAGTGGTT GATAAATAAA CTCACCAAGT TCACTAAATT	2580
10	CAATAATCTT AGGTGTCATC GCTTTAATTT CTTTTCGCTT AAAGCCCATA CATAACATTT	2640
	TAAATTCGAT ATTTTCAATC CCTGTAAGTT GTCCACTCAA GCCAGCACTA ATTGCGATAA	2700
	CGCTGACTTC ACCATTACGA TCCACTTTGC CAACAGTAGG CGACAAAGAA CCGCCAATGA	2760
15	TATTGCTCAA CGTTGATTTG CCGGAACCAT TGATGCCAAC AAGCCCTATG ACGTCACCTT	2820
	CATATGCTTT TAAACTAATG TCATCTAAAG CGAAAAATGT TTTGTTTTTA TGTTTGGGAA	2880
	TGAGCGCATC TTTCATACGT TCTTTATTTG TACGATAAAT ACGATATTCT TTTGTTACAT	2940
20	TTTTAATGTT TACCGAAACG TTCATTTGTA GACCTTCCTT ATTCACATTT ATCTAGATTA	3000
	TAATATACTA CTCAACAGTT GTTAAATTTT AAAACCTGTT GTAAAGTGTA TAGAAGATTT	3060
25	TGTTATTATC AGAGTGGGTG TTTTGACACA AAATGTTAAT CATCAATGAT AACAATGATA	3120
	TTTAAAACT AAACCTATTT CAACCTACAT GATTGTATAC TATAATGTAT TTGTAATAAA	3180
	CTAATATTTT AAAGAACTAG ACAATAATTT TGATAGCATC CATGTATAGT GATAGTATTT	3240
30	ACAACAATTA TTATAATACT ATTTAGTTAA GTAGAGAAAT AGTTAAACAT TTGAAAGTGT	3300
	GGTTTAATGG AATGTCAGCA ATAGGAACAG TTTTAAAGA ACATGTAAAG AACTTTTATT	3360
	TAATTCAAAG ACTGGCTCAG TTTCAAGTTA AAATTATCAA TCATAGTAAC TATTTAGGTG	3420
35	TGGCTTGGGA ATTAATTAAC CCTGTTATGC AAATTATGGT TTACTGGATG GTTTTTGGAT	3480
	TAGGAATAAG AAGTAATGCA CCAATTCATG GTGTACCTTT TGTTTATTGG TTATTGGTTG	3540
	GTATCAGTAT GTGGTTCTTC ATCAACCAAG GTATTTTAGA AGGTACTAAA GCAATTACAC	3600
40	AAAAGTTTAA TCAAGTATCG AAAATGAAT TCCCGTTATC GATAACCGA CATATATTGT	3660

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 173:

- 45 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 13868 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

50

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 173:

55

	ATTAATCACT TGTGTGTAG AGTCTTGTC GTTTGGTTA TGATTGTTAG CCATGATATA	120
	CCTCCCTTAC AACACTCGTG GACCAGAAGT TTTCTGATCT CTCACATTAA CTTCTAACTT	180
5	ACGTACTGGC ATTTCTGTGA AATATTCTAC ATTCTTTTAA ATATCCGAAC GAATTGCTTC	240
	AGTTAAAGAT TGAAGTTGAA CATTATTTGG TACGAAAAAG TCAGTTTAA TGTCGATATA	300
	AGATTTATTT TTTTGTAT ATAGTTTCGC AACTACATTT GGTGTCTTA CTTGATCATA	360
10	TTTTGCAACC GTATCGAATG CCGTCTTTC AACAGCTTTA CGAGATACGT AAACATGACC	420
	ATCATCGAAG TCTTTGTATA ATCCAGGTTT TCGATGCGTA GGTGGAAGA TACTAAATAC	480
15	TAATATAAGA CCTATTAATA TCAATAGTGC AGCAAGTGAA ATAAGTAATG GTTGAACCA	540
	TTCAAATTGA AGGAAGTAGT CTTGATATTC AGTTATACGT CCATCTTGA TATACATGAA	600
	TAACAGGAAC CCCACGATTA CTACTATTAA TAAGCCAAGG ATAAAGTTTT TAAGTCGTTT	660
20	CACCCCTAAC GACACCTCCT TAGTTAAAGT TAATTTAAAA ACATATTAAA TATGTACCCA	720
	TCAGTTTTTT TCTTAAACAT AATAAATTAA TAACTTTAAA TTTATTTTAA ATATATAAGA	780
	TGAAGTACCA TTTAGTAATA TATTCCTAG TTTTGTAAA TAAACCTCA TTATTAATTA	840
25	ATTYTCGTCA ATATGTTTTG AAGAACGATA TTCTAAATA TCTGGGTCAC GATGTTTAA	900
	TAAACCTTA TTACTATTC TCGGTTTCTC CTCACTCAA GATTTTATA GCGACCATAT	960
	CATCGCTATA ATGACCACGG AAAATGGTAA CGCAGCAATG ATTAATAAAT TTTGAATTGC	1020
30	TTGAGTACCA CCTGTGTAAA TCATGATGAT TGCAATAAT GCCATAATGA TACCCCACT	1080
	CACTTTGACA AATGACTTCG GATTAATATC ACCACTTGAA CTCAACATAC CTAAAACATA	1140
	AGTTGCCGAA TCCGCTGATG TAACAAAGAA AATCATAATA ACAAGTAAAG TAATTAAGCT	1200
35	TAATACAAAA CCTAGCGGAT AATGTTGTAG CGTCGCAAAA GTTGCTGTTT CTGTCGCAGC	1260
	TTTAGCAATA TCGGCAATAT GATTATCTTG TAAGTAAATT GCTGACGCGC CGAATACCGC	1320
	AAAGAATATA AAGCAAATA ACGCCGGGAC AAAAAGTACA CCTAGAATAA ATTCTTTAAT	1380
40	CGTACGTCCT TTTGACACAC GTGCAATAAA TATACCTACA AATGGTGCCC AAGATATCCA	1440
	CCATGCCCAG TAAAGATTG TCCAATTTG TAACCATGG AATTTTGTAC CACCTGTCGG	1500
45	AATGCGTAAA CTCATACTAA AGAAATTTGC AATATAATTA CCTAGACCAT TCGTAAATGT	1560
	ATTTAAAATG TATAGCGTTG GCCCAACAAT AAAAAGACCA ATAAGTACTA CAAAAGCAAG	1620
	TAACATGTTG ATATTACTCA ACGTTTGTAT ACCTTTATCG ATACCTGACC ATGCTGACCA	1680
50	AGTAAATAAT ATGGTTGCAA TGACAATCAA GATTACTTGC ATCGTGAAGT TACTCGGTAC	1740
	ATTAAATAAA AAATGTAAAC CTTCGTTTAT TTGCAATGCA CCGAAACCTA ATGTTGCAGC	1800
55		

	CATTGCCTTT TCACCTAATA AAGGCGTCAA TGTAGCGCTG ACTAAGCCAG GATATCCTTT	1920
	ATGAAAGCTA AAATATGCAA ACACTAGCGC GACAATACCA TAGACTGCCC ATGCATGAAT	1980
5	CCCCCAATGG AAAAATGAAA ACTGCATTGC ATCATTAAAT GCAGATTGCG TGCCAGCTTT	2040
	ATGAATAGGC GTTAATTTGA AGGCATGACT GATTGGTTCT GCCGTTGTCC AGAACACAAG	2100
	TCCTATTCCC ATACCAGCAC TAAATAACAT AGCAAACCAA GACGGCAATG AGAATTCAGG	2160
10	ATCTTCGCCT TCTTCACCTA ATGTAATGTT TGCCTATCTC GAAAATAAAA TATACACACA	2220
	GACAAATAAA ATAATAAAA CGAGCAATAA ATAATACCAA GAAAAATGTA GCGCAATAAA	2280
	TGTAGTAATG TTTTGCCTGA GTTTTTCTAA CTGTTTCGGA AATATTGCTC CAAAAGCAAC	2340
15	AAATATCGTA CATATCACTA AAGATACCCA AAACACTAGA CTTACTGATT TATTTTTCAT	2400
	AAATACAAAC CCTTTCTGTG TAATGGTAAG TTCATACCCA TAACTGCAAC ATTTTAATCA	2460
20	TTTGTAATTT TATATAGACA CAATTAATAA TGCCTCATCT TTTAAAAATG ATATATAAAA	2520
	CACACTCAAA TTATTTATCA TTGAGCAACA AAGTATTTTA TTGTATTTAA GTAATGCCTT	2580
	TCTAGTGCAAT TATTGATTG ATACCTGCAA AGTTGCCATA TTTCCGTTTA GAATCAATAG	2640
25	TCGCTAGACA CAAAAAATAA GTCGCCTATA CAGTATTTTC TGCATAAGGC GACTTTACTT	2700
	ACTAATCTAT ATATTAATTA CTAATTTTCC AATCATTGAT TGTTTTTCCA ACAATTGATG	2760
	TGCTTGATAT AAGTTTTCAG GTGATAAACC TTCAAAAAC TGTGTCGTTG TTGGTTGGTA	2820
30	ATGCCCTGAT TCTATATTTT TCGTAATATC TTCTAAATAC TCATGTTGTT TAATCATATC	2880
	AGGCGTTCGA TGAATTGGAC GCGCAAACAT AAATTCATGT GTAAATGTTA TACTTTTAA	2940
	TTTTAATGCA TTTAAATCTT GATCTTCATT AAAAGCTACG ATAGTCGTAA TATGCCCTAA	3000
35	TGGTTTTATC AGTTCAATCA TAGTATTGTA ATACAAGTCT GTATTATAGG TGCAAAATAT	3060
	ATAATCTACT AATGGAATTT CTTTAAATTG ACGCACTAAA TCCTCTTTAT GATTCAATAC	3120
	GATATCTGCG CCCATCTTTT CACACCACTC TGTTGTTTCT TGTCGTGATG CTGTTGTAAT	3180
40	GACAGTTAAA CCATACCGTT TAGCAATTTG AGTGGCTATA CTGCCTACAC CACCGGCACC	3240
	ATTAATGATT AAGACAGACT TCCCTTCGTT TTCAGCAGGA TTCGTAGAAA TTTTAAATGT	3300
45	ATCAAAAAAC GTTTCATATG CCGTAATACC AGTTAGCGGT AGACTAACCG CTTCATTAGC	3360
	ACTTATGTTG TGTGGTGCTT TTGCAACTAT AGCTTCTGAC ACCAATTGAT ATGTCGCATT	3420
	TGATCCTTGT CTATTTGGCG ATCCAGCATA AAATACAACG TCACCCGGAC TAAATAATGT	3480
50	AACGTCTGGT CCGATAGCTT CAACAGTACC AATAGCATCA AACCCAAGTA CACGAGGTGC	3540
	TTGAGTGACT TCCATTGTGC GTTGCTTTGT ATCTACAGGA TTTACACTAA TGCTATTTAC	3600
55		

	ATTTCCTTCT TCCAATTTAA AGGGCTTCTC AAATCCTATC ATTTTCATAT CGTTTCACCT	3720
	CATTTATGAA CTTATTTCTT ATTATACAAA ATAGAAGCCA TGTGTGCTTA TATCGCAGCA	3780
5	TCATGACTCC TTTTTCATTT GAATATATAA ATAATTACAG ACGACTTTTCG TATTAAATTT	3840
	TAGACTTATT TCTACCATGT TGCTGAACAA ATTTACTTTA GATAAAAAAT TATTAAATTT	3900
	TGGTCAATTA ACAAAGTTAG TTTGTTAAAA CGTgATACTT TATTATTCCG TTACTTTAAT	3960
10	AACTTGTTTA CCAAAGTTAT CGCCAGTaaa TAAATTTTTA AATGCATGTG GCGCATTTTC	4020
	AAAACCATCT TCAATGGTTA CTTGTGACTG AATTTTACCT TCTTGAACCC ATGTTGCAAG	4080
15	CTGTTCACTA GCTTCTTTAA AAGCATTAGC GAATTCACCTT ACCAAGAAGC CTCTCATCAT	4140
	TACTTGCTTC TTAATAAGCG TACCTTGAAT ACGTGGTCCG ATATCGGCTT CAGGATGATT	4200
	ATATGACGAA ATTGCGCCAC ATACTGGTAC ACGTGCAAAA CGATTTAAAT GCTTAAATAC	4260
20	TTCATCGCCA ACTGTTCCAC CAACATTTTC AAAATAAACA TCAATACCAT CTGGTACTGC	4320
	TTGTGCTAAC GCTTCTGCAA AATCCTCTTT CTTATAATCA ATACCAGCGT CAAAGCCCAG	4380
	TGTCTCTGTT AAATAATTTA CTTTTTTGTC GCCACCCGCA ATACCTACTA CACGGCAACC	4440
25	TTTAATCTTA GCAATTTGAC CTACAACCTGA ACCTACAGCA CCAGATGCAG CTGAAACCAC	4500
	AACAGTATCA CCGGCTTTAG GTTGTCCAAT ATCAAGCAGA CCATGATATG CTGTTTGTCC	4560
	TGGCATTCTT AAAACACTTA AATATAAATC AAGTGGTACA TCTGTCTGTTG GAACTTTAGT	4620
30	AATTTGATCC GCTTGGACAT GATTAATGAT TCGCCAAGGC AACATACCTA CAACGACATC	4680
	TCCTTTTTTA TAATCTGCGA GTGTCGAATC AATTACTTTT GCAACGACAT GGCTAACAAT	4740
	CGGTTTACCA ATTTCAAAAG GCTGTACATA CGAATCTGCC TTAGTCATAC GTCCTCTCAT	4800
35	ATATGGATCC ACTGAAATAT ACAGCGTTTG TACAAGTACA CCATCGCTCT CAAGTTTaGG	4860
	CGTGfCAATC TCTTCaATTT TGAATGTATC CTCTTGAGGC ATGCCkTCTG GTATTTTGTT	4920
40	AAAAAGAATT TGTTTATTTT GCATCATTAA TCACCTTTCT TTATTTGAAA CTTTTACTTA	4980
	TTTGTTACTT AAGCGTTAAG TTTGAATTGT GTCtTCGTGA TGTCTGTATG CAAATACATT	5040
	CTTAGTTGTT ATATTTTGAC TTAAGCACTG ATTCATTCAT GTAACITCAA CCACATTATA	5100
45	TTTGCTATAA TCATAAATTT AAAATGTTAC GACTTAGACA TTTTATGGAA ACTCTCAAAC	5160
	AATAGATAAT TTTTGAAAAG CTCTAATATT ACAAGCTTTT TTGCCCCAGA AAAACTAGCA	5220
	GTTGCTTTAT TTTTCCATA AGAAGTCGAT TAACTCATTa GCAACATTTT CATTCTCATG	5280
50	AAGCTGACTA TGTTGTGCAG GCTCACCTTC ATATTAGAT TCTCGATAAC TTTTCGGACT	5340
	ATTTCCCACT AAATATTTTA ATGATTTCTGA AGAACTATTA GACACTCTGC CGTCTGAATG	5400

55

	ATCTTTTAGC ACGCGTAATT GCTGATAAGG TTGATTCATT CGACTTGGTT TACCATCTTT	5520
	ATCAACTGTA ATTTTCATTGA CATCTTCATT CATATTTAAA ACACCATTAA ATGTCCCTGC	5580
5	AATATTCACT TGTTTGTTTA ACTGTGGCAG TGACTTGTGC TTACCATATG TCATCATATA	5640
	TTGTGCAAAT GTTAAGTTCC CCATTGAGTG ACCGACAAAG TTGAATTTAT CGAAATTGTA	5700
	TTCAGATTGT AACTTAGTCA GTACATTTTT AAACCACGCA GCATTCTTAT CCAAATAGCC	5760
10	TTGTCTGTIA TTTTCAAGTT CAATTTTCAC AATAGGATTC ACTGCATCTT TTCTTAGTTT	5820
	CCCTTTAAAT GTCACGAC CATCCTTTGA AACGTAAGCA GTGATGATAT CTTTAGTTAC	5880
	CCCTCTTTTT TCTGCTTGCT TCACCATAAA CTTTTCAGAA TTGGCACTAC CACCAAATCC	5940
15	ATGTAAGAAC AATGTTGGAA TTGGCTTTTT AACAAATTGC TGTGTTGTA TTTTAAATGT	6000
	TTGTGCCTGT CGTTGACTAA ACACCACCAT AATAATAGAG CCTATAATAA TAGCGACCGC	6060
20	TAACAATGTC GTAATAATTA CAAAAATTTT CTTACACTT TTAACCCCA TTCATGTCTT	6120
	TTATATAAGT ATAAAGGATG TGATTAAAAA TGTCCTTTAG TTGATTTTGA ATACATCATT	6180
	AACTTTTAAG ATGACTTTGG AAAGTTGTCC GTTAACGTTT GTTAATTGAT TGCTTCTTTA	6240
25	GCTTTCATG GTGTGTCACC CATTGATTAA TATATAAATA TGTATATGCA TGTTTAATTT	6300
	ATCTCTTCT ATAAATAAAG ACCTACCAGC ACTCGACTGA TAGGCCTTTT AATATCTATA	6360
	ATTATTTAAT TTCTTTTGTT TCGGCTAACT CTTGTACCA ATAAGCACTT TTCTTAGGAT	6420
30	AACGTTCTTG AGTCTCAAAA TCGACATAGA ATAAACCATA TCGTTTTTCA TAACCATTTG	6480
	ACCAAGAGAA CACATCCATT AATGACCAAA TAAAGTAACC TTTAACATTT GCACCATCTA	6540
	TAATAGCATC TGCAATAACG TTCAAATGTT GTCTTACATA ATCAATACGT GCATCATCAT	6600
35	GAACTGTTTT TTCAGATTCA ATAAATTCAT CTTTATATCC TAAACCATTT TCAGTGATAT	6660
	AAATCTTATG aTAGTTAGGA TAATCTTTAA CAACACGCAT GaTTTGATCA TATAAACCTT	6720
	GAGGATAGAT CATCCAGTCC CAGTCTGTGC GAGGTACGTC GACATCAAAT TCACGTGTGC	6780
40	CGACACCTTT AAGTTGGTAT TTAGAACCGC CTTTATCACC TGTCGCATTA TGCCTGATTT	6840
	CAGATTCTCC ATCGTAACCT CTCATCCAAT CACTCATGTA GTAATTGATA CCTAAGAAGT	6900
45	CGTTTAAATC TTTGGCTGCA TCTAAAATGG CATAATCTTC ATCTGTAATG TTTAATTTAC	6960
	CGCCATTAAAC AGATAAGATA TGTTGCACAC CTTCCATCGT TTCACGAGAA TACTTACCTA	7020
	AATATGTTGC ATCTAAGATG AATTTATTAT GGATGATATC TTCTAATTCT GCTGCACGAA	7080
50	CATCTTCAGG ATTTGATGGA TCGAACGGAT ATTTTGTGG CAATGCGTGT ACAACACCAA	7140
	TTTCTCCTTT GIATCCGCCA TCTTTAAATA ATTTTACTGC TCTAGCATGA GCCACCATCA	7200
55		

	CTACTAAATA TTGACCATCA CCAATAGGTC CAATTCATT GAATGTAGTC CAATATTTTA	7320
	CTTCTGGGAA TTCTTTAAAA CAATATTCAG CATAATCTAC AAAGTAGTCA ATCGTTTTAC	7380
5	GATTTAGAAA ATCGCCATCT TTGTGTAAaCA CTTCTGGTGT ATCAAAATGA TGCAATGTTA	7440
	CAAATGGTTC AACATGACGT TTATGACACT CTGCAAATAA CTTATGGTAA TACTCAACAC	7500
	CTTTAGGGTT AACTTCGCCA TATCCATTTG GGAAGATACG AGACCATGCA ATTGAAATTC	7560
10	GGATACCATT AACACCGAAT TTTTCACTTA ATTCTAAATC CACTGGATAT CTGTTATAAA	7620
	AATCACTCGC TGGTTCGCA GTGTACCAAT AGTTTTCTTC TAAATACGTA TCCCATGCTA	7680
	CGCGACCTTT ACCATCCGTA TTTGTGCGAC CTTCTGCTTG ATATGCTGCT GTTGCTCCAC	7740
15	CAAAAATAAA ATCTTCAGGT AATGTTTTAG TCATATGAAA AACTCCTATT CTTAATTTTC	7800
	AAATTGTTGT TGAACGAAAT CAAGGGCTGC TTGGCCATCT CGTGTCAATT TGATATATTC	7860
20	AGCACCTTGA GTCTTCGCTA ATTTAATACC TAATCTATCT GTATCTTGCT TAATATCTTC	7920
	ATAGTTAGAC GCAACTGTG GCGCTAAAAT GATTAATTGG TACTCTTTCA TAATGTCCAT	7980
	ATGTGCGCCA TATCCGCCAG CTGCGCTTT CACTGGCACA TGATATTCTT CAGCTGCTTT	8040
25	ATTAAGTGCA TTGGCTAATA ATCCACTTGT ACCACCACCG GCACAAAGTA CTAAGACATT	8100
	TGTTTGTCT GTGATATTTG AAGCTTTAGC TGCATCGTCT GATACACCAC TTGCCGCTAA	8160
	AATTGAATCA GCTTTTTTCG TATCAAAGTT TGCTGCAACT TTTTCTTTTA AATCTGAATT	8220
30	ACTTCTTTA CGTCTTCTT CTTTCATCAAG AATTTCACTA TCATAAACTT TTAGGAATGG	8280
	GTAGTAAATA ATAATATCTA CAACAATCAA AGTAATAGCT AGTACGAATG ACCATAAACC	8340
	AAAACCTGTA CCCATGATAA TGCCAATGG ACCTGGTGTT GTCCAAGGTA AATTCACACT	8400
35	AAAATATTC ATTCTAACA CTTCAACGAA AAGTTTGAAG ATCCATACGT TAACAATTGG	8460
	TGCTAATACA AATGGAATAA AGAACACAGG ATTCAATACT AGTGGTGCAC CAAATAAAAT	8520
40	TGGTTCGTTT ACACCAAAGA ATGTGGTAC AACTGATGCA CGTCCAATCG CTTTGTTCG	8580
	TTTAGATTTT GTCATCCACA TAAACATGAA CGGGACGACC AATGTTGCAC CCGTACCTCC	8640
	AAATGTAACG ATAAACATTT GTGTACCTGA TGTAAATATT TTATCTGCGT GTTCTCCAGC	8700
45	TTGAAGCAAC TTGAAGTTG CTTGATATT CGCATATGTA ATGGCTGCAA TTGCTGGCTC	8760
	TACAATTGAC GGACCATGAA TACCTACAAA CCAGAATAAT GCAAAGGCAC CAAAGATAAT	8820
	TGTGACACCA ATCCATCCAT CTGCTGCTGT AAATAATGGT TCGAATAATT TTAAATACC	8880
50	TTCCGCTACA TTTGATTTAA AGCTGTTGCG AATGACTAAA TCTAATGCAT AAAGAATGAT	8940
	GATTACCGCT GAAAATGGAA TTAAGTCCTT AAATACTTGT GAAATATTCG GCGGTACTTC	9000

55

	AAATGCTGAT AAGAATGCTG TTAATAAACC TTTAGTTCCT ATAAATGCAC TTAAGAATCC	9120
	ACCATCTTTG GCTGGATCAG AAGCTAAGAA CAAGAATCCA CACATCGCTG CTAGCATTTG	9180
5	AGAAATAAAG TTAATTTGAT TTGTACTTTC TAGCTTACGG TTAAATGAAT CTGTTAAAGA	9240
	TTTCGCTGTC GTTCCTGCTA CTAAAAATGC TACAAGCCCC ATCGTATAGT TATATGGTTT	9300
	CATTAAAATG GCTTCCATGC CTTTATCCCA TTTAAAACCA AATATATTTG GCACATATGC	9360
10	AATTAATAGA AAGATACTTG AGAATAAGAT GACAGGCATT GCAGAAATAA ATCCATCAG	9420
	GATGGCTCTT AAATATATGT TACGTGATAA TTTCTCGAAA AATGGCTTCC CTTTTTCAAT	9480
	TTGTGCGATC AATTTTTGCA TCATTGTCAT CACCCTCTTT TATAAAATTC TAATAAATGC	9540
15	TTCAATTAAAT CTTTCAGTAA AATTGTTGTC ATTAAATGAT CTTGACCATG CATCATCGTT	9600
	ACACTGTATG CAATATCATC ACCTTGGCTG TCTTTAGCCA ACAGGCTTGT TTGTGCTCTA	9660
	TGCGCTTCCG CAATGCAATT GTTTCCTTCT TCAATCAGTG CATCTGCTTT TGCAAAATCT	9720
20	CCAGCTTGAG CTGCTGTTAA TGCTTCTAAA AACTTAGAAC GTGCATCCCC TGCAAAATGCA	9780
	ACAATTTCAA AACCTAATAA TTGGACTTCT TCTCTATTCA TAGCATTAAT CCCCTTTTAA	9840
25	ACTTATTTTC TTTGTTTCCA AGATGTCGCA GTATCTTTTA ATACTTTATT TAAGTCATCA	9900
	ATATTTTTGA AACCAGTTGT ACGTAACCAT TCACGAGCAG CATCTTCACC TTGTTCAATG	9960
	TATACTTGAA CAGCACCAGA CCATGTAGCA CGGCCACAAA GTACCCCGTT GAATTTAGCA	10020
30	CCAGCTTCGT GAGCAAATTT TAAAGTTTCT TGGAATAATT CCGCAGAAAC ACCAGCACTT	10080
	AAGTAAATGT ATGGTAAATG AGTTGCTGCA TCTTGATCTT TAAAGTGTTG TGCCGCTTCC	10140
	TCTTTTGTAT AAACCACTTC ACCTTCAGCA AAGCCTTCTA CATATTTTCAT GTTACTGGT	10200
35	ACTTCAACTT TCAATACATC AACGTTAAAG CGTGGTCTG AGAATAATTT CATTGCTTCG	10260
	TTAACCTTTC TAGGCTTAAC TTTTGCGAAT TcAACAcTAC CGTTATcAGG AATGTTGTCA	10320
	TCGTATGTTA ATACTTCTAA AAAGAATGGA ATATCTTCTG CAACACATTC TGAACCGATT	10380
40	CTTTCAATGT ATGCTTTCTT TTGAATGTTA ATTTCTTCAG CATCATCAAC ATCATAGTAA	10440
	AGTAAGAATT TAACAGCATT TGCGCCTTGT TCTTTTAAAC GTTTTGCGA CCACTCTACT	10500
45	AAACAGTCAG GTAAACGACC TTTAGCGTTT ACGTCATATC CAGTTTTTTC ATAAGCAAGT	10560
	AATAATCCAC AATCTTTGTT ACGTGCATCT GAAGCTGGTA AACCATATTC AGGATCTAAT	10620
	AAAATTGAAG ATGCATATTG TGTTAATTCT TCCGCAACTA ATACTTTTAA TTGTTCAATT	10680
50	TGAGCTACAG TTGGTCTTTC AGTTTGATGT TTTGCCATCA TGCGTTTAA AGCACCACGT	10740
	TGGTCAAATG CTAATGCAGA AATGATACCT TCGTTGTTAC TTAATTGTTT AATTGATGCG	10800

55

	TCATCATAAT TATTTAAATT GACATAACCT GTTTGTGCTT CTTGTGCATT CAGCATGCCT	10920
	AAAGTATTGG CTTTTTTTAG TAAATCGTGG TCGTTTTCAT GATTAAGAAT TGCTGAAGTA	10980
5	ATTCCAGCAA CTGTAGAATC ACCTGAACCA ACCGGATTTA ATACACTTAT TGTCCGAATA	11040
	TTCACCTCTAT AGAATGTATG ATTGTGCTTA GCGAATGCAC CTTGTGCACC TAAAGACACA	11100
	ATAATCCACT CAATCCCTTC GAATAAGGGT TGTGACACTG CCTGTTTCAA ACTTTCTAAA	11160
10	CTTTCATCAA GTGGCTGGTT AAGCAATTGA TATAGTTCAG AAATGTTTGG TTTAATGACT	11220
	GTAGGTTTGT ATGGATTTTC CAAAAGTGTG TGCAAAGTtG CACCCGAGCA ATCTAATATC	11280
	ACAGGCACAC CTTTGTTTTG GCATCGTTCA ATGATTGTG CATAATAATC TTGATTTAAT	11340
15	CCTTTIAGGTA AGCTACCTGA AATAGCAACT GCTTCAACTT TTTCTAATAA TTGTTCAAAA	11400
	TGTTTAATAA ATCCTGCAGC CTCTTGATTA TCAATCTCCG GTCCCTGCTC TAAAATTTCT	11460
20	GTTTGTGCC CTTCATGTAA AATGCAATG CAGTTTCGTG TTTACCCTT AATGTTATAA	11520
	AATGCATGCT TGATGTCGGC ATGATCTAAT TTTTtagCAA TAAATTGACC TAATTCACCG	11580
	CCAATAAAAC CACTCGCAAG GACTGGCTCA CCTACTTGCG CAAGTACTCT TGTTACATTT	11640
25	AAACCTTTAC CACCAGCTGT TTTACTTACT TCTTGAACAC GATTAACATC ATCTAATTC	11700
	AATGCTGTTA ATGGGTATGA AATATCAACG GATGGATTTA ATGTTAAAGT TAAAATCATA	11760
	TGTGTGCTCC CTTAATCGTG GTATTGCGCT CTGTCCCAT TTTCTAAGAA TTCATCAAAG	11820
30	AAATGTGGAT CAGCTTGATC TGCATTGCTT GTTCTAAAT GTTTAATTTT AGCGATTAAAT	11880
	TTTTTGTCT CTTCAGTTGG TTTATATTCA GCATTAATAA ATGCATCGAT AATATCGCAC	11940
	ATTAATAACT CACCTATAAT ACGTCCACCG AAGCCAATAA CGTTCGCATT TAATTCTTCT	12000
35	TTAGCGTATA ACGCTGATGT CATATCACGT ACTAGTGCTG AACGAACGCC AGGTACTTTA	12060
	TTTACAGCAT TGTTAATACC AACACCTGTT CCACAAATAC AAACACCTAA GTCTGCATTA	12120
40	CCGCTAACAA CTGTTCGCC AACTTTTTTA CCAAAAATTG GATAATGTGT TCTTGTGAAA	12180
	TCGTATGTTT CTACGTCAAT GACTTCATGT CCTTTTGATT TTAAAAATTC AGATACACGC	12240
	ATTTTGTAT CTGTAACAAT ATGGTCGCAT CCTAATGCAA TCTTCATAGT AATTTTTCCT	12300
45	CCTTAGCACA TTTTATTAAG CATATCTACG CGGATTTGGT GTCTACCACC ATCGTATTTA	12360
	CCTTCAACAA AACCTTTAAC GACATTTTTT GCTAATGTGT CTCCAACAAT TTCAGATCCC	12420
	ATAGTGATCA TTCTTGAATT GTTATGGCCT CTAGTCATAT ATCCAGAGCG TTCATCTGAT	12480
50	ACTTCAGCAG CAATCATGCC TTTGATTTTT GTAGCAACCA TAAAGCTACC TGCACCAAAT	12540
	GCATCGATAA CAATACCTAA GTTACCTTCT TGACTTTGAA CATCTTTTGC TACAGCCAAA	12600
55		

TCTAATAAGT ATGATTTGAT GACTTCTTTT AATCGTTTGC CAGCTTCATC TGAACCAATA 12720
 ATAATCGCCA TAATAAGACT CCTTTTACT TTAATTTTGA AATACCTTTC TTAAAATGTG 12780
 5 ACATATTTAT TTGTAGGTTA TGAAAATCTT GAGAAAAGGC TTTCAATTTG ATTACGTTTA 12840
 AATTATAAAC ATAAACAAAC AATAAATCAA CATAATATGT TTATAATATG TTTGTTTATG 12900
 ACGTATTTTC AAACAATAAG TGAACATTCA TATTGTGGTG TTGTTTAAAT TAGGTATTTCG 12960
 10 TCTGAAATTG TAGTAAACT TTGTCGAGGT TCCCCTTGaC ATAAATTTGC ATAAAAAaTA 13020
 GCCCATAAAT GAATGCAAAT TCACATTAC TTATGAGCAT ATAGATACAT ATTTTAACAA 13080
 TGCAGTTATA CTTTTAATTT AGTCGACTAC TTCAATATAT GTTTTAATCG TTTCTACTTT 13140
 15 TTCTTCATCT TCATAGTCCA TGACCACTGC AGTCAATTCTG TTTAACTGAC AAAATGATGT 13200
 AAAATCTTCT TTGCCAACTT TCGTATGATC GATTAACAAG TATTTTCAA TTGAATTACT 13260
 20 TAGTGCCAGT TGTTCGTAT AGGCTTCATC TAATGTAGAT GTCATCACAG CACCTTTATT 13320
 TACTGCGTTA CTAATAAGA ACATCTTGCT AAATCTTAGT TTTCCAACA TGGCGTTCGC 13380
 CATTTCACCT ACAAATGCTT CTGTAATATG GCGCATTTC AACAATTA AATAGACACG 13440
 25 AAAATGTGCT GTTTGTTTTT CTAACAAAAT TTTATACACC GGCAAACAAT TCGTAATAAT 13500
 TGTGAGCGTA TGATGATTGA CTTCTTCTGC TAATAGTTCC ACTGTTGTTT CTGGTCCGAA 13560
 AAACAAAGTA TCCCCTCTT CAATTAATGA TGCAGCTTTT TTAGCTATAA ATCGTTTTTC 13620
 30 TGCAATTTGA CGGGTATGTT TTTCTTTATG CGATATTTCT TTATACTGAA ATGTTGAATT 13680
 ACTGCGTGCA CCACCATGAA TCTTCGTTAA AATCCCTTTA TTTCCAATT CAATTAAATC 13740
 TCTTCGAACT GTCATATCAG ACACATTTAA ACCTTCGACG ATTTCAATTCG TTCTTATCGT 13800
 35 GCCCTTTTTA TTCACTAGTT TAGCAATTTT GTCCAAACGT TCATGTTTAT TCAATGTAAA 13860
 ATTGCTTC 13868

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 174:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4549 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 174:

50 TTAAGTCAAC TTTGTCTATA CGGTTTGGAT CttCTaCCCA ATGTCTTATA AAAGACAATC 60
 CCGCACCTGA AACATAACTC ATGAAATAAG AAAATGGTAT ACCATTAATT TGATCATTTT 120

	AAATCTTTACC CATACGAAAC ATCAATTGAT AAAATGCGAT GTCTTTTCT ATCATTCTTA	240
	TTAAAACGGT CATAATTGA TGTATGTTAT CCGTGGATAA CTTAACTGCT CCATTAACT	300
5	TCTCATCATG AATGAAGTCT CTTATTTCCT CCAACTGCTG GTCCTCTAAT TTTTCAAGCA	360
	AATCATACTT ATCATAATAA TGCGTATAAA ATGTACTACG GTTAACATCA GCTAAATCTG	420
	CAATTTGTTG CACAGTAATC TCTTCTAATT GGTGTGATG TAAAAGTTCA ATAAATGCAT	480
10	TTCTCATTGC AACTTGTGAT TTTCTAATAC GTCGATCTAT AGTCATTTAT ATCAAGTCCT	540
	CCCCAATGAT TATAAACGTT ATGTTTCTTA TCCCACAAAT CTCCAACATT GATGATTGGC	600
15	ACACAATGTT TACCTGTTTA ATATAGGTGA TACAAACAAA CAGAAAAAGG TGATAACAAT	660
	GAACCAACAT TTACTAGGAA ATCCAAAATT AACTGTAACT CATGTCAATG AAGTTAAAGC	720
	CGGTATTAAC CACATCGTTG TCGACAGTGT TCAATATGGA AATCAAGAAA TGATTATGGA	780
20	AAAAGATGTC ACTGTGGAAA TGCGCGATGG CGAAAAATTA TATATTAATA TTTTCAGACC	840
	AAATAAAGAT GGCAAATTCC CTGTAGTTAT GTCTGCAGAT ACTTACGGTA AAGATAATAA	900
	GCCTAAATC ACAAATATGG GTGCCCTTTG GCCAACATTA GGTACCATTG CGACATCTAG	960
25	TTTTACACCT GAAGAATCAC CAGACCCAGG ATTTTGGGTG CCAAATGATT ATGTTGTAGT	1020
	TAAAGTTGCA TTACGCGGTA GTGACAAATC CAAAGGCGTC TTATCTCCAT GGTCAAAAAG	1080
	AGAAGCGGAA GATTATTACG ATGTATTGAA TGGGCAGCAA ATCAGTCATG GAGTAATGGA	1140
30	AATATCGGGA CAAATGGTGT TTCTTATCTT GCGGTGACTC AATGGTGGGT CGCATCTTA	1200
	AATCCACCAC ATTTAAAAGC AATGATTTCCT TGGGAAGGCT TAAATGATAT GTATAGAGAA	1260
35	GTAGCCTTTC ACGGAGGTAT MCCAGATACT GGCTTTTATC GTTTCTGGAC TCAAGGTATT	1320
	TTTGCGAGAT GGACAGATAA TCCAAATATC GAAGATTGGA TTCAAGCACA ACAAGAACAT	1380
	CCTCTGTTG ATGATTTTTG GAAACAGCGT CAAGTGCCAT TATCACAAAT TAAAACACCT	1440
40	CTACTAACAT GTGCTAGTTG GTCTACACAA GGTGTCACA ACCGTGGCTC TTTTGAAGGA	1500
	TTTAAACAAG CTGCATCTGA AGAAAAATGG CTATATGTGC ATGGACGTAA AGAGTGGGAA	1560
	AGTTACTACG CTAGAGAAAA TCTCGAACGC CAAAATCAT TCTTTGATTT TTACCTTAAA	1620
45	GAAGAAAATA ACGATTGGAA AGATACGCCT CATGTCAATT ATGAAGTTAG AGATCAATTT	1680
	TATAAAGGCG AATTCAAATC AGCGTCACGT GTCCCTTTAC CTAACGCAGA ATATACACCA	1740
	TTGTATTTGA ATGCTGAAAA TCACACATTG AATCATGCAA AGATTAGTAG CGCGCATGTC	1800
50	GCACAATATG ACTCTGAAGA TAAACAACAA GATGTAAGTT TTAAATATAC GTTTGACAAA	1860
	GATACTGAGT TACTTGAAAA CATGAACTTA AACTATGGG TAAGCACTAA AGACTCAGAT	1920

55

	CCTGATTTTA ATCATATTGA AAATGGTCAA GTAGCTACTG GTTGGTTACG CGTATCACAT	2040
	CGTGAATTAG ATCAAGAAAA ATCCTCAATC GCGCAACCTT GGCATAAACA TGAAACAGAA	2100
5	TTAAAGTTGT CACAAGATGA GATTGTACCT GTTGAAATCG AATTGTTACC TTCAGGCACG	2160
	CTATTTAAAC AAGGCGAAAC ATTGGAAGTT GTTGTAAGG GTAGTGAAAT TGTAATTGGT	2220
	AATAGTACTC CTGGCATGAA AACACGTTAT GAACATGAAG AAACCGTAAA TAAAGGCATG	2280
10	CACATGATTT ATACTGGTGG TAAATATGAT TCACAATTAA TCATTCTTAT CGTTAATTGA	2340
	TATGCAGCAA TTACGGTCGC TTTTGATTAA AAGTGACATA GTGATAGGAC TGTATAACAA	2400
	GAGAAAGCCA CACGCTTGGG ATCTTAAACC AAGGTGTGGC CCTTTTTTATT ATTGATGGCT	2460
15	ATTTAATTTT ATAACACTAT CGTATTTTCT TTTTCATGAA TCATTTCAAT AATGACATTA	2520
	TCITCATTCA TTACTGCTAC TTTAGGTGCA TGGTTTTTAA TTTCTTCTTC ATTCAACTGT	2580
20	GCATAAGTCA TGATTATGAC TACATCGCCT ACTTCAACAA GTCTTGACGC TGCACCGTTT	2640
	AAACAAATTT TACCACTACC TCTTTCACCA GCTATTACGT ATGTTTCAAA ACGTGCACCA	2700
	TTATTATTAT TCACGATGGC TACTTTTTCA TTTGGCAAGA TGTCTACCGC TTCCAATATA	2760
25	TCTGAATCAA TCGTAATGCT ACCTACATAA TTTAAATTTG ACTCAGTCAC TCTTGCTCTA	2820
	TGAATTTTAG CATTCATCAT TGTCTTATC ACTTTATTCA GCTCCAATTA TTATATTATC	2880
	TATTAAACGC GCTTTTGAAG ATTTAACAGC TAACGAGATA AATATGCGTC CAGTTATTTT	2940
30	GTGTGTTTCT ACTAATTGAG GATAACTATA AACAGCAACT TCTTCAATGC GTTCACTTAT	3000
	ATGTGATTCA AGATATTGAG TAACCCTGTC TATAATTACT TTACTTTGAC GTTCAACGTC	3060
	TTGATACAAC GCTTGTGCTA ATAGCAAAC TTTACTTAAA TGTACCGCTT CTTGTCGTTT	3120
35	TTGCTCCGTT AAATAAACAT TTCTTGAAC TTTCCGCAAA CCATCTGCTT CTCGAACGAT	3180
	ATCAATACCA ATAATTTCAA CGGCATGATT GAAGTCTTTT ACCmTTTGCT CGaCAATAGC	3240
40	CAATTGCTGG GCATCTTTTT TACC AAAATA AGCATAATCC GGCATAACAA TATTAAATAG	3300
	CTTATTAAC TCTGTTACCA CCCCATCAAA ATGCCCTGGT CCGtTCGCTC CTTCTAACAC	3360
	ATCAGCTAAT GGGCTACTT TGACATCAAT ACCTAATTCA CCTGGATACA TATCTTCTAC	3420
45	TGCAGGATGA AAAACAATGT CCGCTCCTAC TTCTGATACT AATTCTAAAT CTTTATCAAT	3480
	TTGTCTCGGA TAAGCATCGA AATCTTCGTT TGGACCAAAT TGTAATGGAT TAACAAATAC	3540
	ACTCACAATT GTAATATCAT TTGTACTAAC TGATTGCGGT ACCATCGTTA AATGTCCATC	3600
50	ATGTAAGGCA CCCATTGTTG GGATAAAACC AATCGTTGTG CCTGAGCGTT TGGCTGCTTT	3660
	AACAATGTGT TGCATCTCTT TTACCGTAGT AATCAGCTTA GTCATTGTTA TTAACCTCAT	3720
55		

GATCGTATTG TTTTAAACCA TCCACACCAA CACTAAAATC AGCAAATTGC TTCACAAATT 3840
 TCGCTTTATG TTCAACACCA TAATTTAACA TATCGTGATA AACCAATACT TGACCATCTG 3900
 5 TACCTTTTCC TGCACCAATA CCAATGACTG GAATTGTAA GTGCTTGCTA ATTTCTTCTG 3960
 CTAAATCATT TGGAATTGCT TCAAGTACTA ACGCAACTGC ACCAGCTTGT TCTACATTTT 4020
 TCGCGTCTAA AATAAGTTGc TCCGCTGCTT CTTTCGTGTC ACCTTGTAAT TTATACCCCA 4080
 10 TAACGCCAAC ACTTTGAGGT GTTAATCCTA AATGTGCAAC AACAGGAATA CCAATTGCCG 4140
 TTGCTTTTTT AATAAATGGT GTAATATGCG CTCCTTCTGC TTTAATTGCA TTTGCATTCTG 4200
 TCTCCTGATA AAGCTTTAGA GCATGATTTA AGTCTTGTTG CATAGAGATG CCTACTGCAC 4260
 15 CAATCGGCAT ATCAACAACT ACAAATGTAT TTGGTGCGCC TCTTCTTACT GCACGACCGT 4320
 GATGAATCAT ATCTGCTAAC GTCACTTGTA CGGTACTTTC ATAACCTAAT ACAGTCATAC 4380
 20 CAAGTGAATC CCCAACAGA ATCATATCAA TACCCGCTGC TTCCAATTGT TTAGCACTTG 4440
 GAAATCATA AGCTGTTACC ATAGAAATTT TAGTTTGCTT TTGTTTCATA TCTATTAATT 4500
 GACTTACTGT TTTCAATGTT ATTCAACCTC TTTTTCAGT ATnATTAGA 4549

25 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 175:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 8339 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 30 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 175:

35 TTATCTTTTG TTGTTTCCTT AGACAAACGA CTAACCACAT TATAATGGAC TAATTTATTA 60
 ATTFTATTTA ATTCCATTAA GTTATCCGTA AACTAAGTG AAGATGCGGA GTTCACTCTC 120
 GTTTGTACTC TTCGTTTTAA TAAAGCACCT CGTAATAATA CAATCATTCT TCTTATTAAT 180
 40 GATGCTTGTC TATATACCTG TGTTCTTTCA GCATAACGCA TATAGTTTTT AAGTACACTA 240
 TTCGTTATTT GTCCTTCATC TACTAAAGAC TCTAATGTTT TkGTTTCTAC ATTAAAAGCA 300
 45 ATTTTTTGTA GACGTTCTAA TTCTTTAGAG TTTTCATCAT CTTTCTCTAC AGTTTTTAAA 360
 AATGCTAATT TATCATGATA TTCTTTAATC ACGTTACCAT ATTTAAAACT TGTTTCGAAA 420
 GTAGATTTTT GATTTAGATA ATCAATAACT TGTTCTAATA TATAAATTCT AGCAACTTTA 480
 50 AACGACATAT TGCCAATTAC TGTTTTAGGT GCAGGTTTCG TTAATAATGG CAATAATACT 540
 TGCGCAACTA CCAAATAAT AATAACCATA CCAGATGCAA TAAATAATAA GTCGTTTCTA 600

55

	ATTGTTCCAT GCACACCACA TAACGTCATA ATTAAAGCGT ATAACTTCG CTTTGGTGGT	720
	TTCTCAGTCG TTGGATTATC ATCATCATT TTAGTCATCA TTTTGGAA TGGACTGATG	780
5	GCTAAATAAA AATAAGGATA TAAGACATAA ACCCAAACAA ATCTAAATAG ATAGACAGCT	840
	AAAGCAACAA CAATAGTGAT GCCTATTAAA AAGATTAAAT TGTGCGGTC TGTTTTGATA	900
	ATTTTAATAA TAACTTCAGG TACTAAAAAT CCTAATATTG AAAAAACAAA GCCATTTAAA	960
10	ACATAACCTA GTATATTCCA TGTATGATTG TAACTCATT GCAGTTGTGT ACGTACTTGC	1020
	ATAATTCTGT CACGTTGAA ACCATGTACA AGTCCTGCAA CTACTGCTGC AATGATTCTT	1080
15	GATGCGTGAA ACAATTCAGC AATTAAATAC GTAACAAATG GTGTTAACAA TTGAATAATT	1140
	GTAAACATAT TAATGTTTTT ATATCCTCGA CGCATCAATG TTAATCGGAA CCTTACTAAT	1200
	GCCATACCTA TAAGTAAACC AACCCTGCG CCACCAATTG ATGCAATTAA AAACAACTGA	1260
20	ACAGCATCAA CAAGTAAAA AGCACCTGTA ACTAATACTC CAACAGCTAT TTTAAATGAA	1320
	ATAATACCAG CAGCATCATT CAATAATGAC TCACCTTCAA GAATTGTCAT TGCTCCTTTT	1380
	GGCAAGACCT TTCCTTTAGT GATTGCTTGC ACTGCTACTG CATCAGTAGG ACAAAGAATG	1440
25	GCAGCAATTG CAAATGCTGC TCCAATAGGT AAATCTGGCC AAATCCAATG AATAAATAAA	1500
	CCTACACCTA TCACAGTAGT AATGACTAAT CCTAATGCCA TCATCATCAC TGGCTTAATA	1560
	TATTCCTTA AATGGACTCT AGAAACATTA ACACCTTCTA CAAATAACAA AGGCGCAATC	1620
30	ATTGTTACCA TAAACAATTC AGAATCAAAA TTAAATTGAA CAGGGATTGG GGTAAATAAT	1680
	AGTAACATGC CCAAGAAAAT TTGTATAAAT GCTAGGGGTA CTTTAGGTAT GAAAGTATGG	1740
	ACAAACGAAC TTAGTATCAC AACAGCTATA AATATAAGAA TTGTTTCAAA TATTTCCAAA	1800
35	CTTTCACCTC TCTAAAAAGT ATTGTTTAAT TGAAAATTAA GTATCACATC TCGTTGTAAT	1860
	TATACCTTAG AGGATAAATT GAGTTAGCGA CCACAAAAGC ACTTTAATAT AGATATATGT	1920
40	CTACGATTGC AGTACTTAAA TTGCAATTA TTTAATTTTA TTTTATCACT AATTGTTTGT	1980
	ATAAATAAAC AACTTGCTTT CACATAACAA CATTAACTTA TAATACAAA AATGAGCACC	2040
	TTAAATCGA CTAACCAATT TCaAAGTACT CTTTAAATGA TTAATTTTGA AAACAGATTT	2100
45	TCaAAAGCAT TGTTATGCTT AACAAATTTAG CCAACACTTC AATCGTTTTG ATACCATTTT	2160
	TTACGATGCT CTCTCGTTT TTCAGCACGT AATTGTAATG CTCTGTAGA GTTTTGTTC	2220
	TTTGAACCTA ATAATATTGA TGCATGTGTG TGAGCATCAT TTTTTCGATA CATATAAGCG	2280
50	CCGTTGCGAT AAGCAGCGCG AGCGACTAAG TGCATGCCGA CTGGTGAAGT TAAATTAATA	2340
	AAAACAAGTG ACAGTAATAA ACGCACACTG AAAAATCCTG TATTCACAAT AAAATAAATT	2400
55		

	CTTAAGAAAA CATCTTGGAA TTTCACGATA CCTATTGCAC TAATAAGAGC AATAAACTA	2520
	CCTAACAACA ACATCACAGC AGCAATAAGA CTAAAGATTT CTTTTGTTAT TTCCATTAAA	2580
5	CACATGCCCC CCACCAATAA AGCGTGATAT TGAAACAGAA CTTACAAAAG ATATAATGGC	2640
	AATGAGCATG ATTGAATCTA AGAAAGAAAC GGTGCCCATA AGTACACTTA ACACACCCAC	2700
	AATTGACATT ACGACAGCAC TTGTTGTATC AAATGTAACG ACACGATCTG CTGTTGTAGG	2760
10	TCCCTTGATT AATCTAAATA AACAGATGAT TAATGCAATT CCAAAAATAA TGAGTGAAC	2820
	AATAATCATA ATATGTGTTA TTGTTTGTAT CATCGCGACA CCTCCAATAT TAAGTCTTCA	2880
15	TAATGCTTAA TACTTCTTAA CAACTATCT TTTTCTTTT CTGACACGTC GATACTATGA	2940
	ATAAAAACT TTTTAGAGTC TTGAGAAATT CGTATTACTG TAGACCCTGG AGTTATAATA	3000
	ATTAATAATTG TTAATAATGT TATTGACCAA TCACTTGTTA GTCTTGTTTC ATATGAAAGT	3060
20	AATCCAGGGT TCATATCTTT TGTTTTAAAA AGAATATAAT TAATCGTGCT AATGCTAGAT	3120
	GTTATTAATT GATATAAATA AACACCTAAA AATTTAATAG CTACCCATAT TTTTCTAACA	3180
	TAAAAATCAT CGCTGAAAAA CCTGTGTAAT ATATAAATGA CAATTAAACC AATTAGATAT	3240
25	CCAGAAAAGA AAGTCGAGAA TTAAAATGA TCTTCATCTT GAAATAATAC CCATAAGAAT	3300
	GCAATGATAA TATTTAAAAC TATTGATTC ATTTAGTCCT CTCCTTTCAA ATGCGGATTT	3360
	ACAAGTTTTT GATATAATTG ATCACTCGTG TTCAACTCAG TTGCATCACT TGTAACATTT	3420
30	AACACAACAG GTGCAGCAAT TCCGATTGCG ATAACCACAA CTAATAAAT ACTTAAATT	3480
	CTTTTTCGAT ATAGCGGGAT TTTCTTAAAA TTAACCTCCT CCCCATCTTT ATCTCCAAAA	3540
	TACATATAAA AAAGTATCCT AAATAAACTG TACATTGCAA TTAGACTAGT AATAATCATT	3600
35	AACGCTAGTC CAATATAATT GCCATTTTGC AATGCACCTT GGAAAATAAG TACTTTCCCC	3660
	GGAAAGCCAC TAAATGGAGG CACGCCGCCA ATAGCAAAAA TCATTATAAT AAACGCAACT	3720
40	CCAAATAAAG GTTCTTTTTT AGCTAAGCCA TTCAAATATT GATATTGTCG ATAGCCTGTA	3780
	ATGTAACTA AACTACCAAT AATAAAAAAT AGCAATGTTT TTACAACAAT GTCATTTACC	3840
	AAATAAAATA TTGCACCATT AATACCTGCA AACGTGTTTG TTCCTAAACC TAAAATGATA	3900
45	AATCCTATTG AGATTATGAC TTGGTAAGCT GCAATCTTTT TAATATCTTT ATAAGCAATG	3960
	ACACCTATAG CGCCGATGAC CATAGTTATA GCAGCCATAG TTGCTAGCAA TGGATGTATG	4020
	AGATCATTAT GTTGATCAAA TAGTAAAGTG AAGAATCGAA TTAATGCATA GGCCCTACT	4080
50	TTGGTCATTA ACGCTGCAAA TAATGCTGCA AGCTCAGTAT TTAACACAGC GTAGGCTTTG	4140
	GGTAGCCACA TAAAAAGGAC CAGCGCTGCT TTCGCACTAA ATGCGACTAA GAAGATTAAT	4200

55

	AAGTTTAATG TACCTACTGT TTTATAAAGT AAACCTATAC CTAATAAGAA TAGCCATGAA	4320
	CCAATAATAT TCAAGACAAC ATAAATAATT GCAGCACGTA ATTGTTCTAC AGATTGTCCA	4380
5	AGTGTAATGA GTACAAATGA CGCTAGTAAC ATAATTTCAA ACATGACGTA TAAATTAAAT	4440
	AAATCTGATG TTAGAAAAGA GCCTATCACG CCAACACTTA AAAATAATAT GAACGATGGC	4500
	AAGTGATAAC GATTTGCTTT ATGTTGCGCA CGCCCAAATC CGTATGCCAT AATTAAAGTA	4560
10	ATCACAAACG AAGCGGTTGT AACCATAATT AAACCTAAAG AATCTCCTAA AAACGTATA	4620
	CCAAAGGGCG CTGACCATCC TCCAAAGTCT AGCGTAATTG GACGGTGACG CTGAACATAA	4680
15	ATTAATAGCA TTAATGAAAT AATTGTGGTG ATAGTCATTG TACCTAAGTA TAAATATTTA	4740
	GAAATACGAT CATTATTTTT TAAAAATACA AGGATTAAGG CACAAAGGAA TGGTAATAAC	4800
	ATTGGTAAAA TCAATAAGTT ACTTAGCATC ATCTTCCCCC CTTAGGCCTT CAATTTTCATC	4860
20	TTCTTTTGTT ACTTTATAAG TTCTATAAAC AAGTACAAGT AAAAACGCAG TCATCCCCAA	4920
	CCCTATAACT ATTGCAGTTA GTACAATAGC TTGTAACAAG GGATCAACAA ACAATTGGTT	4980
	TCCACCAGTT ATTAGTGGTT CTGATCTACT AGAACCATAC GTTCCCATAC TCATAATAAT	5040
25	GAGATTACCA GCATGAGTAT ATATTGAAAT TCCGATTACA ATACGAATTA AATTGATTGA	5100
	TAAATCATA TATGTTCCCTA TAAACACTAA AAATCCTATA ACTAGTAATA ATATTAAATT	5160
	CATGATCGAC CTCCGCTAAG CGACAACATC ACTGTGACAA TAACACCAAC AACTGAGAAT	5220
30	AAAATACCTA ATTCAAAAAG TGTATTGTGA CTTACATGAA TTTGTCCTAA AATTGGAAGT	5280
	ATCCAAGTTG TTTCATATTG AGACAAAAAT GGTTTTCCAA AAAACATAGG TATTATCGCA	5340
	GTAATAGATG ATACCAATGC TCCAATAATC ATTAAAATTC TAAAATCAAT CGGTAAACTT	5400
35	TCTAAACCT CTTCAACATT AAAAGCCAGA AACATTAAAA TAAACGCTGA ACTAAATATT	5460
	AAACACCAA TAAACCCACC ACCAGGATTA TTATGACCTG CGAAGAAGAC ATAGAATCCG	5520
40	AAAGTCAATA AAATAAATAC AACAGTTTC GTGACCGTTC TTAACACGAC ATCATTCTCT	5580
	TTCATCTTGT CCCCTCCGAT CTTGATAATT TAATAATGtg TAAATACCTA GCCCAGTAAT	5640
	AATTAACACT AATCCTTCAA ATAATGTATC TAATGCTCTA AAGTCACCAA GTATCGCATT	5700
45	TACAATATTT TTACCACCTG TTAGTTTGTC AGCTTTTAAA TAAAAGTCTG ATATTGATGA	5760
	TAAACCATCT GTTTGTTGTG TAATAAAAAT TAATGATACA ACAATAAGTG CCATCAAGAG	5820
	TGATACAGAA ATTTTAATTA TTTCTCTTTT TTTGTTAGCG TTAGATCTTG GCACGTTTGG	5880
50	TAATCTTGAA AAACCTGACAA TAAATAGTAT CGTCGTTATT GTTTCAACTA CTAGCTGAGT	5940
	CAATGCTAGA TCAGGGGCTT TCATTGCTAT AAAGAATAAG GTCACAACAA ATCCGATGAC	6000
55		

	GACAGTTACG ATTGCTAATA TAATTTCTAA TGCCCCAAAT TCAGAAACAT GTAACGTGATG	6120
	TACTTTAGGA AGTCCaATTC GAATATAACC ATATCCAATG ATAATCATAA ATATGCCTAA	6180
5	GGTCATAATA ATGTACTGGT TTAAACGATC TTGCATAACA CGTTTAAATC GCTTCGTAGC	6240
	AAACTTTTCA AAATGTCGAT ATACCATCTC ATAGCTTTTT GAAACTGAAA TCTGTCTAAT	6300
	TTTACCTGTG AACACTTTTT TCCAATCTAC TTTGATTGCT AGTACACTAC CCAATAAAAT	6360
10	AATGATGATG GTTAAAAGAA GCGGTATGTT AAATCCATGC CATTGCGAAA CATGTGGTGC	6420
	CAATTGATCA ATTTGATGAT TACCACCTGA TACAGCTCTT AATGChAGAA CGATAATCCC	6480
	CTTCCCAAAT ATATnTGGTA CAAAAAAGAT TACAGGTACT AGCACCATTA aTATAAGAGA	6540
15	TGGTAAACTA aACAACCATG GTTCGTGGAT ATTTTTTTTA GTAAAAACCT TAGAATCATA	6600
	TTTTGtCCAA AATACTTCTT TTACCATGTA TAGTGCATAT GTGAATGTAA AAACACTCGC	6660
20	AATAACACCA ACAAACACGA TAGCTATCAT TGAAATCAAA CTAAATTGGG ATAATTGTCC	6720
	AGTTTGTGTT AATGCATCTA AAAACATTTT TTTACTTAAA AATCCATTTA AAAATGGTAC	6780
	TCCAGCCATA GATAGAGCCG CTATCGTCAT GACTAGATTG ATTTTAGGAA ATAGTTGACG	6840
25	CATTCCACTT AAAATTGCTA TATCCCTTGA ACCTGCTTCA TGATCTAAAA TACCTACTCC	6900
	CATGAAAAGC GCACATTTAA AGATGGCATG ATTCATTAGa TGAAATAGcG CACCArATAA	6960
	TACmAATACA TAAATaGATG CTATTGCGTC TTGTTGGTGT TGAGCATATC CGCCACCTAT	7020
30	ACCCACCATA GCCATAATCA TCCCAAGTTG ACTGATTGTA GAGTACGCTA GGATACCTTT	7080
	TAAATCCCAT TGTTTTAAAG CTGTAATTGA ACCAAATAAC ATTGTTATTA AACCAACAAA	7140
	CGTAACGATA TATACGTACA TATTGCTAnG ACCTAATAAT GGTGTAAATC GAAGTAATAG	7200
35	AAhGATACCA GCTTTTACCA TCGTGGCTGA ATGTAAATAA GCACTTACAG GTGTAGGTGC	7260
	AGCCATTGCT CTAGGTAGCC AGTATGAAAT GGArATTGTG CTGATTTTGT AAATGCACCT	7320
	AATAAAAACA TAAAAATCAT AGGGATAAAC AATCCATGAT TCTTAATATG ATCTGCTTGT	7380
40	CCTAATATCT CTGTGATGTT ATTCGTTCCCT GTCATGATAT ACAGCATAAT AAAACCAACT	7440
	AATAACGCCA ATCCACCAAA TACTGTAATC ATAAATGATT GAATCGCACC AAATTGACTG	7500
45	TCACCATTGT TATACCAATA TGAnATCAAT AAAAATGATG ATmCACTCGT TAATTCCCAA	7560
	AAaATGTACA TCmATATCGT ATTGTCTGAT AATACaaTAC CAATCATACT GAACATAAAT	7620
	AACGTTAAAT AAAAATAAAA CCTTGGTAAA TTGTCTTTTC GAGAGGATAA ATATTGAGTT	7680
50	GCATAGAAGA ATACTGCAAT TCCAATAAGT GAAATAATAA GAGAAAACAT TAAACTTAAA	7740
	CCATCTAAAC GTAAATCTAA ATTAATATCT AATGTCTTAA TCCATGGAAT AGAGGTAGAA	7800
55		

GGTGCAACCA ACGCTATGTA CCCGGCATAT TTAGCCAATG CTCTACGTTT AGACATTAGA 7920
 AGTATCATCG CCATAATCAC AAGTATAGCA ATTAATAAAT AAACCAAACCT CATTATTAGC 7980
 5 CTCCTTTGTT TCTATAATTG TAATGAAATA TAAATACTAT GTTCACACTC ATTTTCTAAA 8040
 CCGATAAAAT TTAGTGTTTC AATAGCAGAT TGATGCCCTA AATACTTTTG AATGACTGGT 8100
 ATAAGTATAC CTTTTTGATA AGCATGATAT GCAAATGTCT TACGCAATGT CGTTAGTCCT 8160
 10 ACATTATCTA TACCAGCTTC AATTGATGCT TGGTGAATTA TTCGATATGC TTGCTGTCTA 8220
 GATAATACTT GATTTGTTCG TAGTGATTGA AAAAGAACGT CTTCAATTCGA AAGACTCCTG 8280
 TCCTCTATAT ATTGAAGTAG TTCTTTCGAT AATGTTTCTG GTAACCTAAT TTTAATCAA 8339

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 176:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 588 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 176:

CCCgATTTTt TTACGTAATC TAATACATAC GGCAAAATCA ACTTTAATCA AAAAAGACTC 60
 ATACACAATG CCTTTAAAGC ACATGTATGA GTCCTTTTtA GTAGTTTATA TCAAAAATA. 120
 30 GTTTAATGTA TAAATTAGTT TTTGTTTACA GATGCGTCGT AGATTGATTC TACAGCATCA 180
 CCTAAAGCTT TATCGAATTC TTCTTTAGAT TGATCAGCTC TTAAATCACT AGCTAATGCA 240
 CGTGAGAAAC TTGCGATAAG TTCAGCGTTA TCTTTAAGTA ATTCAATTTGC TTTTCTCTG 300
 35 CTGTAACCAC CTGATAATAC AACGACACGA ACAACATTAG GATGTTCAGC TAACTCTTTG 360
 TATAAGTTTG GTTCAGTAGG AATTGTTAAT TTCAACATTA CTAATTGATC AGCATTTAAG 420
 CTATCTAAAC CTTTTTTAAG TTCAGCTTTT AATACTTTTt CAATTTcAGC TTTGTCTTTT 480
 GCATTAATAT TAACTTCTGG TTCGATAATT GGAACtAAAC CTTTAGCAAT AATTGTTTA 540
 GCAACTTCAA ATTGTTGTTC AACAACTCTT TTGATACCTT GCTCATT 588

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 177:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2841 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

	ATAGAGTnCT GGnACTTACT ATGACATATG GCGCTAGAAT GGCTGAGCCA GGTGAATTTA	60
	CAAAACGTGC CTTTTTAAAT GGTGCTATTG ATTTATCTCA AGCTGAAGCA GTTATGGACT	120
5	TTATTGCTC GAAGACAGAT AGAGCTTCTA AAGTTGCGAT GAATCAAATT GAAGGTCGTC	180
	TAAGTGACTT AATCAAAAAA CAACGTCAAT CTATATTAGA GATACTCGCT CAAGTGGAAG	240
	TGAATATTGA TTATCCTGAA TACGATGATG TTGAAGATGC GACTACTGAA TTTCTTTTAG	300
10	AGCAGTCTAA AGAAATCAAA CAGGAAATTA ATCGTTTATT AGATACCGGT GCGCAGGGTA	360
	AAATTATGCG TGAAGGTTTA TCTACAGTTA TTGTTGGTAA ACCAAACGTA GGTAAATCAT	420
	CGATGTTAAA TAATTTAATA CAAGATAATA AAGCGATTGT AACTGAGGTA GCAGGTACTA	480
15	CTAGAGATGT CTTAGAAGAG TACGTCAATG TTCGTGGCGT GCCATTAAGA TTAGTTGATA	540
	CTGCTGGTAT ACGTGAGACA GAAGATATAG TAGAGAAGAT TGGTGTGAA CGCTCTAGAA	600
	AGGCTCTTAG CCAAGCAGAC TTAATTTTAT TTGTATTAAA CAATAACGAA GCATTGACWC	660
20	AAGAAGATTA CACATTATAT GAAGTGGTTA AAAATGAAGA TGTAATCGTA ATTGTTAATA	720
	AAATGGATTT AGAGCAAAAC ATAGATATTA ATGAAGTTAA AGATATGATA GGTGATACGC	780
25	CATTAATTCA AACTTCAATG TTAACAACAG AAGGTATTGA TGaATTAGAA ATACAAATTC	840
	gAGATTTGTT CTTTGGTGGa GAAGTACAAA ATCAAGATAT GACTTATGTT TCTAATTCAA	900
	GACATATTTT ATTATTAAAA CAAGCAAGAC AAACGATACA AGATGCGATT GATGCAGCAG	960
30	AATCTGGTGT GCCTATGGaT ATGGTACAAA TTGATTTAAC TAGAACTTGG GAAATATTAG	1020
	GAGAAATTAT TGGTGAGACT GCAAgTGATG AACTCATCGA TCAGTTATTC AGTCAATTCT	1080
	GCTTAGGTAA ATAGTAATTG AAATAGACGG AATACCGTCT TAAGAAGGCT AGTAAGATAT	1140
35	CAAATAAGGA GGTTTATATT GTGGTTCAAG AATATGATGT AATCGTTATA GGTGCGGGAC	1200
	ATGCAGGTGT AGAAGCAGGT TTAGCATCTG CAAGACGTGG TGCTAAAACA TTAATGCTAA	1260
	CAATAAATTT AGATAATATT GCATTTATGC CATGTAACCC ATCTGTAGGT GGACCAGCTA	1320
40	AAGGTATCGT TGTTCTGTAA ATTGATGCTT TAGGTGGACA AATGGCAAAA ACAATCGATA	1380
	AAACACACAT TCAAATGAGA ATGTTAAATA CAGGTAAAGG ACCTGCTGTA AGAGCACTAA	1440
	GAGCGCAAgc AGaTAAAGTA CTTTATCAAC AAGAAATGAA ACGCGTGATT GAAGATGAAG	1500
45	AAAATTTGCA TATAATGCAA GGTATGGTAG ACGAACTTAT TATAGAAGAT AATGAAGTTA	1560
	AAGGTGTACG TACAAATATT GGTACAGAGT ATTTATCTAA AGCAGTAATT ATTACAACGG	1620
	GAACATTTT ACGTGGTGAA ATCATTTTAG GTAATATGAA GTATTCAAGT GGACCAAATC	1680
50	ACCAATTACC ATCAATCACA TTATCAGACA ATTTAAGAGA ACTTGGTTTT GATATTGTTC	1740

55

	AAATACAACC AGGTGACGAT GTAGGTCGTG CATTGAGCTT TGAAACAACA GAATATATAT	1860
	TAGATCAATT GCCATGTTGG CTAACGTATA CTAATGCTGA AACACACAAA GTTATCGATG	1920
5	ATAATTTACA TCTATCTGCA ATGTATTGAG GGATGATTAA AGGAACCGGG CCACGTTATT	1980
	GCCCTTCAAT TGAAGATAAA TTTGTTTCGAT TTAATGATAA GCCGCGACAT CAACTTTTCT	2040
	TAGAGCCTGA AGGTCGTAAT ACAAATGAAG TATATGTGCA AGGATTGTCT ACAAGTCTTC	2100
10	CTGAACATGT GCACGTCAAA TGTTAGAGAC GATACCAGGT CTTGAAAAAG CAGATATGAT	2160
	GCGTGCCGGC TACGCAATTG AATATGATGC GATTGTGCCA ACGCAGTTAT GGCCTACACT	2220
	TGAAACGAAA ATGATTAAAA ACTTATATAC TGCAGGTCAA ATTAATGGTA CATCTGGTTA	2280
15	TGAAGAAGCA GCAGGACAAG GATTGATGGC AGGTATTAAC GCTGCAGGTA AAGTGTTAAA	2340
	CACAGGCGAA AAGATATTAA GTCGTTTACA TGCATATATT GGTGTCTTAA TCGATGATCT	2400
	TGTAACATAA GGTACTAATG AACCTTATCG TTTACTAACA TCACGTGCAG AATATCGTTT	2460
20	GTTACTACGT CATGATAATG CTGATTTGAG ATTGACGGAT ATGGGATATG AACTTGGTAT	2520
	GATTTCTGAA GAAAGATATG CACGTTTTAA TGAAAAACGT CAGCAAATTG ATGCGGAAAT	2580
25	TAAGCGTTTA TCAGATATTC GTATTAAACC AAACGAACAT ACGCAAGCGA TTATTGAACA	2640
	ACATGGTGGT TCTCGCTTAA AAGATGGTAT TTTAGCTATC GATTTATTAC GCAGACCTGA	2700
	AATGACTTAC GATATAATTT TAGAACTTTT AGAAGAAGAA CATCAATTGA ATGCAGATGT	2760
30	TGAAGAACAA GTAGAAATAC AAACAAAATA TGAAGGTTAT ATCAATAAAT CACTACAACA	2820
	AGTTGAGAAA GTTAAGCGTA T	2841

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 178:

35	(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
	(A) LENGTH: 3025 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
	(D) TOPOLOGY: linear

40

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 178:

	ATCTAATTTC AAACCCGGTG ATAAATTGCC AAGCGTGACG CAATTAAAAG AACGTTATCA	60
45	AGTAAGTAAG AGTACTATCA TTAAAGCATT AGGCTTATTG GAACAAGATG GTTTGATCTA	120
	TCAAGCACAA GGCAGTGGTA TTTATGTGAG AAATATTGCT GATGCCAATC GTATCAACGT	180
	CTTTAAGACT AATGGTTTCT CTAAAAGTTT AGGTGAACAC CGAATGACAA GTAAGGTACT	240
50	TGTTTTTAAG GAGATTGCAA CGCCACCTAA ATCTGTACAA GATGAGCTCC AATTAAATGC	300

55

	CGAATATTCT TATTATCATA AAGAAATCGT GAAATATTTA AATGATGATA TTGCTAAGGG	420
	CTCTATCTTC GACTATTTAG AATCAAACAT GAAACTTCGT ATTGGTTTTT CAGATATTTT	480
5	CTTTAATGTA GATCAACTCA CTTCAAGTGA AGCTTCATTA CTACAATTGT CTACAGGTGA	540
	ACCATGTTTA CGTTACCACC AGACTTTTTTA TACAATGACT GGCAAACCCT TTGATTTCATC	600
	TGACATCGTA TTTCATTATC GTCATGCACA GTTTTATATT CCTAGTAAAA AGTAATAAAT	660
10	ACATAAAAAAC GTCTATATCC CAGTTATAAA CTGGAGTATA GACGTTTTTT TACGATAATA	720
	ACAATGGCTC AAATTGCTAT TATCTTGCTT AGGTTTTTCG TTTAGAAGA ATATTGCTAC	780
	AAAGACAGGC ACAACTGCTA CAACAACTAC ACCAACTAAC ACTAAAGCTA TACTTGCCAT	840
15	TGATTCTTCT ACAGGTCCTA ATTCTTTGGC TGGTGCTACA CCTAATGTGT GACCACTTGT	900
	TCCAAGTGCT AATCCTCGGG CAATAGGGTT AGTAATTCGG AAAAGCTTTA AGAATTTATT	960
	ACCTAGGGCA TAAATAATGA CACCATTTAA AATAACTGCT AATGATGTTA ATTCTTTTAT	1020
20	ACCACCGATA CCAGCTGATA CTGGTAACGC AATCGCTGTA GTTGCTGCTT GAGGTAACAT	1080
	TGATAAAATA ACATCATTGG CAAATTGTGC TAACTTCGCA AAAGTTAAAA TAATTAATAA	1140
25	CGCTACAACT GTACCGATAC CAATACCTCC GATGATACGA TGCCAATGTT TAACAAGCAC	1200
	TTACGCTTTT TTATATAACG GAATCGCAA ACAGATTGTT GCCGGTTCTA AGAAGAAGTA	1260
	AATAATGTCT CCACCTATTT TGTAAGTCTT ATACGGAATG CCTGTTAAAT AGAGGAAGGC	1320
30	CACACCAAAT ACCATACTGA CAAATAGCGG TGCGAATAAG AAGAAACGAT TAGTTTTTTC	1380
	AAATAATATG GTCGCTAAGA AAAATGGTAT AACGGATAAC AGTATTCCGA AGTAAGGTGT	1440
	GTTTaGTGCT AAGTGGTTAA TCaTGAGCTT GTGCCTCCTC TATTTTGATC TTTTTGTGA	1500
35	CTTTGTCACC TTAGATCTC GAAGTAACTT TCATAATAAT TTgTGTGACA TAGCCAGTAC	1560
	AAATaAGTAA TAGTATTGTT GAGACGATTA TTAGTCCAAT GATTAAAAAT GGTGCTTGGC	1620
	TAATGACACC TAAAGAGTTA ACAACTGAGA TACCGGCTGG TACGAAGAGT AAGCCAATGT	1680
40	TATTTGTTAG TGTCGTTTCT ACTTTTTTGA CTTGCGCTAA CTTAACAGCA CCAGTACATA	1740
	ATAATACAAA TAATAATACT AAACCGATTA CTGATGCAGG CATAGGAATT GGCATAAATG	1800
	ATTCAATTAT TTTCGATACA AAGAGTACTA AAGCAATTAC AATGACTTGG TGAAAAAAGT	1860
45	GTGCTGGTTT TGATGCGTCT TTTTGTTGTT TCACGACCAT TGCCTCCTAC GTTTGATTTA	1920
	ACTAAAGTAT AGATGGCTCA CTTGATTGTT CGTGATTTTT AGTCCGAAAT ACAAATATC	1980
50	ATAGGTAAAA TGCATAAAAA AAAGGATTAC TGTAAAGTA ATCCTATCGA CGCTTTAAAA	2040
	TCTTTCATAA ATGAACGTCC AACTTGCATC TTGACACCAT TTGTCAATAT TACCATATAA	2100

55

	TGAATACGTA TAAATAAGT GGGATTCAAT CGTTTTTCAT AACGATTCAA TGGCTCTGTT	2220
	GTTTCGTATT TATGATTCGT TGTATGTATG GTTGTAAATAC CATTATGTGT GCCAATCCCA	2280
5	ATAATATTTT GTTGCTTTAA CATGTGAATT TTATCGTCAA TTTCAACAGG TAAGCTTTGA	2340
	TCAAAATTCG CCGACATATC ATTCGCAATT GCACTTGCGT TATTATCATC TTTGGCTTTA	2400
	GTCGCACGCA CTTTATTGAC TGCTTGTTCA ATACGTTTTT GACCAAACGG TTTCAAATA	2460
10	TAGTCTGTCG CATTTAATTC AAATGCCTGT ACTGCGTATT GGTCAATGTC AGTTGCAAAA	2520
	ATAATCGCAG GTGGCTCTTT CATCTTTTGA ATCTTAGCTC CTAATTCGAT CCCATTTTCA	2580
	TCCATTAAAT TGACATCTAA AAATATAATG TCATATTGAT TGATCAGTAG TGCTTCCAAT	2640
15	GTTTCTTTTA CATTTTCTGC CTCATTAATT TCTTCAAAAC CACCAATTTT ATTTAATAAA	2700
	TATGTTAATT CATTACGTGC TAATGGCTCA TCATCTATGA TTAATGCTTT CATATTTATT	2760
	CCTCCTCTTG TCTTTCATAA GGAAGTACAC ACCAAAAAGT GGTACCGCTC GATGTCGATT	2820
20	CAAATTGTAA TGCTGCGGAT TTTCCAAATA ATCCTTTTAG GCGTAAGTTT AAATTTTCTA	2880
	AAGCACTACC AGTTCAGAC TCTGATTCTA CAGATGnTC TCCCaaCAAA TGCATTTTAT	2940
25	CTTTAGAAAT ACCCTGACCA TTATCTTGTA CAATAATACG TACATGTGTT GCAGTTTCTT	3000
	TAATCACTGA CACGTCAATA TCGTT	3025

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 179:

30	(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
	(A) LENGTH: 1689 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
	(D) TOPOLOGY: linear

35

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 179:

	ACAGAATTTT ACAGCATTTT TAGATGAAAA AATAAGCCAG TCATAGCGTT GATTTAACAA	60
40	ATGAATATCA AAATTTAGTG GCTTTATATC AATAAAGGGT TTGTGAATAA TTGATACTAA	120
	ATCACTTTGC ATGTCATTTG TTTGTGTCAT AACTACAAC TGGCTTCATAT TTAAACGTCA	180
	CTCCATTATT TAATGTTGTT CATTTAAGCG TTTTATAATT TCATAAGCAC CTTGCTCTTT	240
45	TAATTTGTTA CTCACTGTTT TGCCTAACTC AACCGGATCT GTTCCGTTCA TTGTATATTC	300
	AAATCGTTCT TIACCATCTG GGGTCATAAT TAAACCTGTA AATTGATTT CGTTTTGATC	360
50	TGAGATTGTA GCATATCCTG CAATTGGCAC CTGACAACTA CCATCCATTT CTGCTAAAAA	420
	CGTTCGTTCA GCAGTCACAC ATTTTGCAAC CTCATCATTA TGTACTTTGC TTAATAATGT	480

55

TAACAATGTA TCTCTATCAA GATAAGATGT TnCAATATCA TCTGACCAGC CCATTCTTCT 600
 TAAACCAGCT GCAGCTAAAA TAATCGCATC ATAATCTTCA GTTTGTAACT TTTCTAATCG 660
 5 TGTATCTATA TTACCTCTAA TCCATTTAAT CTCTAAATTA GGATACTTAG ATAATATTTG 720
 TGCACCACGA CGTAATGAAC TAGTACCAAT AATACTGCCT TCTGGCAATT GGGATAGTGG 780
 TGTATGTGTT TTAGAAATAT ACGCATCAAA AGGTAATTCT CTATCAGGGA TACAACCTAA 840
 10 TGTAAACCT TCCGGAATTA CACTTGGTAC GTCTTTAAGC GAGTGTATTG CCATATCGAT 900
 ATTTTTTTCA AAAAGTTTCAT GTTGATTTTC TTTAACAAT AAGCCTTTGC CTCCGACTTT 960
 AGACAAATTGT TTATCTACTA TACGATCGCC TTTCGTGCaCA ATTTCTTTAA TTTCAATTTTC 1020
 TAGATTGGC TCGACAGCTT TTAATTTATC AATAAATTGC TGGCTTTGTG TTAAAGCTAA 1080
 TTTACyTCTT CTGGAGCCAA CGACTrATTT ACGCATGTTT AATTCCTCCT AGGAACGGAT 1140
 20 TGCTCTAGAT TATTTTCTCA ATTCACAAAA TGTGTTGCAA AAAATAAATT AATCATATTT 1200
 AAGCAAAATA AAATAATGTT ATAGTATATT AAATATCTTG AATTCAACCA TTTGTTGATT 1260
 CTAAGTAAAA TATAACTTCC ATATAATACT GTAATAATTG AAGAGAGTAT TACCTTCGGG 1320
 25 TCAATGAATA TACGTTCAAC AACTGAAATT ACACCCCACT GTGTACCTAA AATAATACTA 1380
 AATATGAGAA TTATCCACCC ACTTAACGTT GAGTAAACA CAATTGATTC AAGTGTAGCA 1440
 ACGCTACCAA TTCTAAAGTA TTTTGTATCA AAACGTTTTT CCTTCAAATT ACGGTATTGC 1500
 30 ATGATATACA GTAATGCATT GACAAAAGCT AAGGCAAAGA AGACATAACT TAACACAGCT 1560
 AGACCGATAT GGACTAACAG TAACTCGTCT ACAACAGCAA TTTTCTGAAC CTTATTAGTA 1620
 TAATGTGTCG GTTGAAATGT ATTCATCCCT AAnAGTGTTA ACCCTATTAA ATTCCAAGGA 1680
 35 AAAACACAG 1689

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 180:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1209 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 180:

nTGGnTGGCT TTTCTATTG GACCAAATGG ACCnTTTACC TGGCCnTTCC CAGGACACCC 60
 CGCTTGTGCC CACATTCCAA TCGGAAAAGG TGTATGTGGT ACAGCCGTTT CAGAACGTGC 120
 50 TACACAAATT GTAGCTGATG TTCATCAATT CGAAGGACAT ATCGCTTGTG ATGCTAATAG 180

	CGATGCCCCCT ATAACGGATC GATTTGATGA CAATGACAAa GAaCATCTTG AaGCAATTGT	300
	TAAAATTATT GAAAaGCAAC TCGCATAAAA GGACATCAGC ATTTTCAATA AAGTGTGAC	360
5	AGTTAGCAGG AAAATGTTAC AATAATCTTT GTGTGAATTA ACGAAAGTAG CAGTTGTATA	420
	TTATTGAGCG CTATGTTGTT CCCAATGCGG ACGTGTCACG TAACTGTGCGC TATAAGGTGA	480
	AGACACATAA AACAATATAT CTTAGTAAGC ATGCAACACT CTTTTTTGTT TATTCATAAC	540
10	AACAAAAAAG AATTAAAGGA GGAGTCTTAT TATGGCTCGA TTCAGAGGTT CAAACTGGAA	600
	AAAATCTCGT CGTTTAGGTA TCTCTTTAAG CGGTACTGGT AAAGAATTAG AAAAACGTCC	660
15	TTACGCACCA GGACAACATG GTCCAAACCA ACGTAAAAAA TTATCAGAAT ATGGTTTACA	720
	ATTACGTGAA AAACAAAAAT TACGTTACTT ATATGGAATG ACTGAAAGAC AATTCCGTAA	780
	CACATTTGAC ATCGCTGGTA AAAAATTCGG TGTACACGGT GAAAACTTCA TGATCTTATT	840
20	AGCAAGTCGT TTAGACGCTG TTGTTTATTC ATTAGGTTTA GCTCGTACTC GTCGTCAAGC	900
	ACGTCAATTA GTTAACCACG GTCATATCTT AGTAGATGGT AAACGTGTTG ATATTCCATC	960
	TTATTCTGTT AAACCTGGTC AAACAATTTT AGTTCGTGAA AAATCTCAA AATTAAACAT	1020
25	CATCGTTGAA TCAGTTGAAA TCAACAATTT CGTACCTGAG TACTTAACT TTGATGCTGA	1080
	CAGCTTAACT GGTACTTTTCG TACGTTTACC AGAACGTAGC GAATTACCTG CTGAAATTAA	1140
	CGAACAATTA ATCCGTTGAG TACTACTCAA GATAATACGG TCAATACCAA CACCCACAAT	1200
30	TGTGGGTGT	1209

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 181:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- | | |
|----|----------------------------|
| 35 | (A) LENGTH: 698 base pairs |
| | (B) TYPE: nucleic acid |
| | (C) STRANDEDNESS: double |
| | (D) TOPOLOGY: linear |

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 181:

	AAATCCCTTt GTtaAAgTsC AAAtTTTTtCc AACrgCTTTA AtArGACCCA TATTACctTC	60
	TTGGATTAAA tCmAGGaaATG AcATACCACG ACCaCGTATC TTTTAGCAAT ACTTACAAC	120
45	AAACGTAAGT TCGCTTCTGC AAGTCTTGAT TTTGCTACTT CATCACCTTG TTCAATACGT	180
	TTGGCTAATT CGATTTCTTC TTGTGCACTT AATAAGTTAA CACGCCCAAT TTCTTTAAGG	240
50	TACATACGAA CTGGGTCATT TATTTTAAACA CCTGGAGGGG CACTAAGATC ACTTGGAATC	300
	AGTTTCTCGT CAGTATCTGA ACTATCTTTT TCATTAACTA GTGAAATATC ATTATCATT	360

55

GCAATTTCTT CATGACTTAA ATGACCCTCT TTTTACCTT TTTCAATTAA TTGCTTCTTA 480
 ACATCTTCTA ATGTTAATGT CGGATCAATT GTTGTGTTTT TAATTTTAAC TGTGTTATCA 540
 5 GACATGAAAC GGCCTCCCGA TTTTAAATAT GAACATTCGA AATTTATTCA ATATTGCTAT 600
 TTAAACGAA ATTCTTAATT AATTCCATCC ATATTTTnAA TTTTATTTTA CAAATTGGGA 660
 ACTAAATCCC CAATATTTAT TTTTCAATAG TGGTGGTT 698
 10

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 182:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 5147 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear
 15

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 182:

ACTTGATGAT GTATACAATG TATTTCAAGA ATATTATCAA AAAACATCTA ACATTAAGTT 60
 TTGTAGAATT CACAATTCTA GCTATTATCA CTCTC AAAA TAAAAACATC GTTCTTCTTA 120
 25 AAGATTTAAT TGAAACAATC CACCATAAAT ACCCTCAAAC TGTTAGAGCT CTCAATAATT 180
 TAAAAAGCA AGGCTATCTA ATAAAAGAAC GCTCAACTGA AGATGAAAGA AAAATTTTAA 240
 TTCATATGGA TGACGCGCAG CAAGACCATG CTGAACAATT ATTAGCTCAA GTGAATCAAT 300
 30 TATTAGCAGA TAAAGATCAT TTACATCTTG TTTTGAATA ATATCTCTAT TACGCAAGTG 360
 TGCTGTATTG TAAAGTGCAC TTGTGTTTTG TATTTTTTAA TAAACCTCA GCACATAATG 420
 AACAACTTTC TATTTTCTAT ATCACTTAAA ACCATTTCCG AAATTAAACC TCAGCACATT 480
 35 CAAAGCCCCA CTTTATTCTT AAAAATATTT TTAACTCAT ATGTATTAAA CCGCTTTCAT 540
 TATAAAAAAT ATCTCTATAT TtTATCTGtT TtTATTAATC GAAATAGCGT GATTTTGCGG 600
 TTTTAAGCCT TTTACTTCCT GAATAAATCT TTCAGCAAAA TATTTATTTT ATAAGTTGTA 660
 40 AAACCTTACCT TTAAATTTAA TTATAAATAT AGATTTTAGT ATTGCAATAC ATAATTCGTT 720
 ATATTATGAT GACTTTACAA ATACATACAG GGGGTATTAA TktGAAAAAG AAAACATtT 780
 ATTCAATTCTG TAAACTAGGT GTAGGTATtG CATCTGTAAC TTTAGGTACA TTACTTATAT 840
 45 CTGCTGGCGT AACACCTGCT GCAAAtgctG CGCAACACGA TGAAGCTCAA CAAAATGCTT 900
 TTTATCAAGT CTAAATATG CCTAACTTAA ATGCTGATCA ACGCAATGGT TTTATCCAAA 960
 50 GCCTTAAAGA TGATCCAAGC CAAAGTGCTA ACGTTTTAGG TGAAGCTCAA AAACCTTAATG 1020
 ACTCTCAAGC TCCAAAAGCT GATGCGCAAC AAAATAACTT CAACAAAGAT CAACAAAGCG 1080

	AAAGTCTTAA AGACGACCCA AGCCAAAGCA CTAACGTTTT AGGTGAAGCT AAAAAATTAA	1200
	ACGAATCTCA AGCACCGBAA GCTGATAACA ATTTCAACAA AGAACAACAA AATGCTTTCT	1260
5	ATGAAATCTT GAATATGCCT AACTTAAACG AAGAACAACG CAATGGTTTC ATCCAAAGCT	1320
	TAAAGATGA CCCAAGCCAA AGTGCTAACC TATTGTGAGA AGCTAAAAAG TTAAATGAAT	1380
	CTCAAGCACC GAAAGCGGAT AACAAATTCA ACAAAGAACA ACAAATGCT TTCTATGAAA	1440
10	TCTTACATTT ACCTAACTTA AACGAAGAAC AACGCAATGG TTTTCATCAA AGCCTAAAAG	1500
	ATGACCCAAG CCAAAGCGCT AACCTTTTAG CAGAAGCTAA AAAGCTAAAT GATGCTCAAG	1560
	CACCAAAAGC TGACAACAAA TTCAACAAAG AACACAAAA TGCTTTCTAT GAAATTTTAC	1620
15	ATTTACCTAA CTAACTGAA GAACAACGTA ACGGCTTCAT CCAAAGCCTT AAAGACGATC	1680
	CTTCAGTGAG CAAAGAAATT TTAGCAGAAG CTAAAAAGCT AAACGATGCT CAAGCACCAA	1740
	AAGAGGAAGA CAATAACAAG CCTGGCAAAG AAGACAATA CAAGCCTGGC AAAGAAGACA	1800
20	ACAACAAGCC TGGTAAAGAA GACAACAACA AGCCTGGTAA AGAAGACAAC AACAAGCCTG	1860
	GCAAAGAAGA CGGCAACAAG CCTGGTAAAG AAGACAACAA AAAACCTGGT AAAGAAGATG	1920
25	GCAACAAGCC TGGTAAAGAA GACAACAAA AACCTGGTAA AGAAGACGGC AACAAGCCTG	1980
	GCAAAGAAGA TGGCAACAAA CCTGGTAAAG AAGATGGTAA CGGAGTACAT GTCGTTAAAC	2040
	CTGGTGATAC AGTAAATGAC ATTGCAAAAG CAAACGGCAC TACTGCTGAC AAAATTGCTG	2100
30	CAGATAACAA ATTAGCTGAT AAAACATGA TCAAACCTGG TCAAGAACTT GTTGTGATA	2160
	AGAAGCAACC AGCAACCAT GCAGATGCTA ACAAAGCTCA AGCATTACCA GAACTGGTG	2220
	AAGAAAATCC ATTCATCGGT ACAACTGTAT TTGGTGGATT ATCATTAGCC TTAGGTGCAG	2280
35	CGTTATTAGC TGGACGTCGT CGCGAACTAT AAAACAAAC AATACACAAC GATAGATATC	2340
	ATTTTATCCA AACCAATTTT AACTTATATA CGTTGATTAA CACATCTTA TTTGAAATGA	2400
	TAAGAATCAT CTAAATGCAC GAGCAACATC TTTTGTGCT CAGTGCATTT TTTATTTTAC	2460
40	TTACTTTTCT AAACAACCTC TGAAACGCCT CAACACTTTC TACTCTGATT ACATATATGA	2520
	CATTTTTAGG CATTAAAAAA TCGAACTAGA CAAGATGCTC ATTGCATTTT GTACTAGTTC	2580
	GATTCATGAA TAATTAGATT TAAAATGTCA TTTGAATCCA AGTGACAACA TTATTTATAT	2640
45	TTAGAATATT AACGTTAGTA TAAACGTCCA AACACAAATA AAAGCAACAA ATATAATACT	2700
	GTATTTTAAAC GTCATTTTAA ATAATGCAGA TTCTTCACCA ACTTTTTTAA CAGCTGCAGT	2760
50	CGCAATGGCA ATTGATTGTG GTGAAATAAG TTTCGCTGCT ACACCACCTG CAGTGTTAGC	2820
	TGCCACAAGT AATGAACCGC TTGTTGAAAT TTGTTGTGCC ACTGTCGCTT GAATAGGTGC	2880

55

	TGGAGAGAAT AATGGGAAAA TTGCTCCCGC TTTAGCAATA CCTTGTCCTAA TTGCTACAGT	3000
	CAAACCACCG TATGTCATAA CTTTAGCAAT AGCTAGGATA GCTGAAATTG TAAGGATCGG	3060
5	TAACCATAAT TCTTTAATTG CTTGACCAA TAAAGCACCT GCACTTTTCC ATTTTAACTT	3120
	CGTAATTAAA ATTGTAATAA TTACTGTAA TAAATCGCT GTCCCAGTTG CACCAATTAA	3180
	ATCGAGACGC AACGCAATTC CTTTAGGCGA TAAATCACTC ACAGTATTG GAATTGGCAA	3240
10	TTTTATTACT AAACCTTCAA GTGCACCTCC AGGTTGGAAT AATTTTTTGA AGAATGGTGC	3300
	ACTCCATACT AATACAAAGG CAGTTAAAAT TACGAACGGA CTCCAAGCAA AGACAATTTT	3360
15	TTTAGGCGTT CGTTTTGAA TTTTATGTTC AGACGCTTCC AATCTGAAAA TGTTTTTCGG	3420
	TTTAAATTTA CGACAAACAA ATGCTAACAC CACCATTGTT GCTAGTGATG GAATAATGTC	3480
	TGCTAGTTCT GGACCATGGA ATATTGTAA TAATAATTGT AATCCAGTAT ATGTACCACT	3540
20	CCTGTTAAA ATGACAGGTA AAATTTCTTT AATACCTTTC ATACCATCTA CAATGAATAC	3600
	TAAAACAAAT GGAATAATAA AGTTTAAAAT TGGAAGTGTT AATGCTGAGT ATCTCGCAAC	3660
	ATCTAATGTT GTAACGCCTC CACTTAAGTT AAACGTATCA ATAATACTAA CTGGTAAACC	3720
25	AATTGCACCA AAGGCACCCG CCGCACCATT AGCAATTAAA CATAACATCG CTGCTTTTAA	3780
	TGGTTCAAAT CCAAGTTGAA TTAATAATAC TGCACAAATC GCAATTGGCA CACCAAATCC	3840
30	TGCTGCACCT TCTAAAAATG CGTTGAAACA AAATCCAATT AATAATAGTT GGATTCTTTG	3900
	GTCCACTGAA ATACTTGCAA TACTATCTTG AATAATAGAA AATTGTCCTG TTTTAATAGA	3960
	AACTTTATAT AACCAAACCTG CCATTAAAAC GATATATCCT ATTGGGAAAA TACCGGCAAC	4020
35	AACGCCTTCT GTAATCGCAC CTGCTGATAC ACGCGCTGGT AATTCAAATA CAAATAAAGC	4080
	CACAATCAAT GTAACAACCA AAGTTGTCAA TGCTGCATAA ATGCCTTTCA TTTTAAAAAC	4140
	GGTTAAGCAT AATAAAAATA AAATAATAGG TACTGCTGCA ACTAAGGCTG ATAATCCGAC	4200
40	ATTATCGAAT GGATTTACAG TAAGTAGTGT CATAATGACT CCTCTCTTT ATATAAATA	4260
	TTTATCATTG TGATTAACTT ACAACCTATT TCAACTTATA TTTTGCATG ATCACATATT	4320
	TAAATGTAA CACTCCTATA TGTGACAGGC AATCGAATTT TTACAAAAG TTCACAAAAT	4380
45	ATACACAATA TTAACTATA ATAmATAATA TATCaTntTA ATTATAAATA CTAGATATTA	4440
	TTTATAATAA TCTCAGGAAT TCGCTTCAAA ACTGCATCAT GAGAGTTTAT ATTTTATTG	4500
50	AGAATCTCTC ATTTTATGAA TTGTAGGAAG TAAACAAAAT ATGACAAGCG TCAAACCAAT	4560
	GATAATGATA AATATCATAT TAAACCATAG TAAATTGAAT TGATGATGGT GTTGTATTTG	4620
55	CCAAATTTCT AATACTGTGA AGATAGACAT ATAGCTCATA ATCTCTAAAT TTAACGTACT	4680

AAATCGTTCA TAGTATCTAC CTGCAATGAA AAATATAAGC CAAATCACTA TAAATGCGCT 4800
 ATTAATCAAA AGCAGCACCC ATTTATCAGC AAAATTATCA GCATCCCCTG CTAAATTATA 4860
 5 ATGAATAGGC ACTTTGGTTG GTAATTTTGG ATAGGTCACT ACTGTATAGC ACATCATAGC 4920
 TAAGTAAATA AGTAGACTTA ATATTGTAAA AGACCTGATT TTAGACATTC TATCGCCTcT 4980
 TcTTTACATT TTATGTATAA CACTCTGCCT ATTTTACCTT TTAATaCATT ACCCCAAcGA 5040
 10 TtAAaCAATA tGTaATGATA CTATAATTGC GTCAGGAGTA TCCGCTTGTT AAATGTGCAT 5100
 AGCTTATATT TAGCTGTTTA ACATGCCACA TAATGATTCG AATTATT 5147

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 183:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1312 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 183:

25 CACTTACTTC CACCATTATC ATAACCTTAA AATGGATATA nTTCATCAAA CATTATCTAA 60
 AGGCGTCGCA CCTACACCAA CACCATCCAA CAATTAACCTT ACAACTCTGC GATTACTTCT 120
 TCAGCAGCAA CTTTCACnTG CGTAATACAA TCAGGTAGTC CAACCGCTTC AAAAGATGCA 180
 30 CCAGTTACTC TAAGTCGTGG ATATGTTTGT TTAATATGTG CTTGAATCTG TCTAATTTGT 240
 TGAATATGAC CGACATGGTA CTGTGGCATA CTTTTCGGCA AACGATTGAC AATTGTAAAT 300
 35 TCAGGATCAC CTTTAAATGT CATCATTTGA CTTAAATCTC TACGTACAAT CGATACTAAT 360
 TCATTATCTG TATGATCATC AACCACAGTA TCACCTGGTT TACCTACATA CGCACGAATC 420
 AAAAcCTTAC CTTCCGGTGT AGTAAATGGC CATTTTTTCG ATGTCCAAGT ACATGCGGTA 480
 40 ATGTCTGTAT CACTCGTTCT CGCAATTACG AAGCCAGTAC CATCATGGGT ATTTTCAATG 540
 TCTTTTTTCAT CAAATGCCAA TACAACAGTT GCAACAGTCG TACTATCCAT CGTTTTAAAG 600
 TAATCAAATG CTGGATCTTG TCCGAACCAA TTTAAAAACA CTTGATGTGG TGTCGTTACT 660
 45 AATACGCCAT CATACTTC TTCTAGTTGA TCATTGTAAA CAATTTTATA TTGTTTTTGA 720
 GATGTAATTA TATCATCCAC TGACGTATTG TAGCGTATTG TCACACCTTT ATTTTAAACA 780
 50 TCTTGTTCTA ATGCTTCAAT AAATGAGCTT AAACCATGCT TAAATTGTTT GAATTGTCCT 840
 TTCGGTGGC CAGGATATAA TTGTCTTTGT TTCAGACGCT TATTTTTCTC ATCCTTCATA 900
 CCTTTTATCA GACTTCCGAA TGCCTCTTCT TTTTCTTTAA AATTAGGAAA CGTACTCATC 960

TCAAGTACCT CATTACCTAA TCTTGCTCTG AAAAATGCAC CAACAGAAAT GTCACCATCC 1080
 TGCATTGAG TAGGTTTTTT TAATAAATCA AACCTGCTC TTAATTTACC AAGTGGCGAT 1140
 5 ATTAATTTTG TAGTAACAAA TGGTTTAATA TCTGTTGGAA TACCCATAAT TGAACACCT 1200
 GGAATCGGAT ATAATTTATT TTTCGCAAAA ATATATGATT GTCCAGTCGT ATTTGTAAACA 1260
 ATATCTTGTT CTAATCCAAT ATCTTTCGCT AATCTGTCA TAATCGTTTT TC 1312

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 184:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 6157 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 184:

TTTTACAATA AAAATATGAT ATACTACTTG TCGTATATAA GGAACGGAGG ACAATTTATG 60
 CATACATTTT TAATCGTATT ATTAATCATT GATTGTATTG CATTAAATAAC TGTGTACTA 120
 25 CTCCAAGAAG GTAAAAGCAG TGGACTTTCA GGTGCCATCA GTGGTGGTGC TGAGCAGTTA 180
 TTCGGTAAAC AAAACAACG TGGCGTCGAT TTATCTTAA ATAGATTAAAC AATTATTTTA 240
 TCAATATTAT TTTTGTACT TAAGATTGTC ATAAGTTATC TTGGTATGTA AGGTCCGGCG 300
 30 ATGTAAATGT CGGGCTTTTT TATTTATAAT TAAGAATGTA ATAGTTTAAAC AATAAGCTAT 360
 GTAAAATATA TAGCCTAGTT AAGTATGCAA AGGGAGCGTT AGATTATGC AGATAAAATT 420
 35 ACCAAAACCT TTCTTTTTTG AGGAAGGTAA ACCTGCCGTG TTATTACTAC ATGGTTTTTAC 480
 AGGCAATTCG TCTGATGTTT GTCAATTAGG TCGATTTTAA CAAAAGAAAG GTTATACATC 540
 ATATGCACCG CAATATGAAG GCCACGCGGC ACCACCAGAT GAAATACTGA AATCTAGTCC 600
 40 TTTGTTTGG TTAAAGATG CGTTAGATGG TTATGATTAT CTTGTTGAAC AAGGTTATGA 660
 TGAAATTGTT GTTGCTGGTC TATCATTAGG TGGGGATTTT GCTTTAAAAT TAAGCTTAAA 720
 TAGAGATGTA AAGGGTATTG TAACGATGTG TGCTCTATG GGTGGCAAAA CTGAAGGTGC 780
 45 CATTTATGAA GGCTTTTTAG AATATGCACG CAATTTTAAA AAGTATGAAG GTAAAGATCA 840
 AGAGACTATT GATAATGAAA TGGATCATTT TAAACCAACT GAACTTTAA AAGAACTAAG 900
 TGAAGCATTG GATACGATTA AAGAGCAAGT TGATGAAGTG TTGGATCCTA TTTTAGTGAT 960
 50 TCAAGCAGAA AACGACAATA TGATTGATCC ACAATCCGCA AATTATATAT ATGACCATGT 1020
 AGATTCTGAT GACAAAAATA TCAAGTGGTA CAGTGAATCT GGACATGTTA TTACGATTGA 1080

	AGAATAAAAA	GAGATTTTAA	CATTAGAAAG	GAGGGGCATA	ATGAATTTAA	AGCAATCTAT	1200
	AGAAGAGATT	ATTAATCAAC	CTGAATATGA	ACCTATGTCA	GTGTCAGATT	TTCAAGATGC	1260
5	ATTAGGTTTA	AGCAGTGCCG	ACTCGTTTAG	AGATTTAATT	AAGGTGCTTG	TGGAGTTAGA	1320
	ACAATCAGGA	TTAATCGAAC	GTACAAAAAC	AGACAGATAC	CAAAAAAAGC	ATAGTTATAG	1380
	AGGTCAATCA	AAATTGATAA	AAGGAACGTT	AAGTCAAAAT	AAAAAAGGCT	TTGCATTCTT	1440
10	AAGACCTGAA	GATGAGGATA	TGGAAGATAT	ATTTATTCCC	CCGACGAAAA	TTAATCGTGC	1500
	CTTGATGGA	GATACTGTTA	TTGTAGAAAT	CCATCAATCA	AAAGGTGAAC	ATAAAGGTAA	1560
	AATCGAAGGG	GAAGTTAAGT	CGATTGAGAA	GCATTCTGTA	ACTCAAGTTG	TTGGTACGTA	1620
15	TAGTGAAGCT	AGACATTTTG	GCTTTGTTAT	TCCGGATGAT	AAACGTATTA	TGCAAGATAT	1680
	TTTCATTCC	AAAGGTCAAA	GTTTAGGCGC	AGTCGATGGT	CATAAGGTAC	TTGTACAAAT	1740
20	TACTAAGTAT	GCTGATGGTT	CAGATAATCC	AGAAGGACAT	ATTTCTGCTA	TTTTAGGACA	1800
	TAAAAATGAT	CCTGGCGTAG	ATATTTTATC	TATTATCTAT	CAACATGGCA	TAGAAATTGA	1860
	ATTTCTGAT	GAAGTGTTAC	AAGAAGCTGA	AGCAGTACCT	GATCATATTG	AAAATACTGA	1920
25	AATTAAAGGC	CGTCATGATT	TACGTGATGA	ATTGACAATC	ACAATTGATG	GTGCTGATGC	1980
	TAAAGACTTA	GATGACGCAA	TTAGTGTTAA	AAAGTTAGCG	AACGGTAATA	CGCAATTAAC	2040
	TGTAAGTATT	GCTGATGTCA	GCTATTATGT	AACAGAAGGT	TCTGCATTGG	ATAAAGAGGC	2100
30	ATATGATAGA	GCGACAAGTG	TATATCTTGT	TGACCGTGTA	ATTCCAATGA	TTCCACATCG	2160
	ATTAAGTAAT	GGTATTTGTT	CATTGAATCC	TAATGTTGAT	CGTTTAACTC	TAAGCTGTCTG	2220
35	CATGGAAATC	GATGCTAGTG	GTGCGTTTGT	TAAACATGAA	ATTTTTGATA	GTGTTATACA	2280
	TTCTGATTAT	CGAATGACGT	ATGATGCGGT	AAATCAGATT	ATTACTGAAA	AGGATCCTAA	2340
	CATTCGCGAA	CAATATAATG	AAATTACGCC	TATGCTAGAT	TTAGCACAAG	ATTTATCTAA	2400
40	TCGTTTGATT	CAAATGAGAA	AACGACGTGG	TGAAATCGAT	TTTGATATTA	GTGAAGCAAA	2460
	AGTATTAGTT	AACGAAGACG	GTATACCAAC	AGATGTTCAA	TTAAGACAAC	GTGGCGAGGG	2520
	TGAACGTCTA	ATTGAATCAT	TTATGTTAAT	TGCAATGAA	ACAGTTGCTG	AACATTTTAG	2580
45	TAAGTTAGAT	GTACCTTTTA	TTTACCGAGT	GCATGAGCAA	CCTAAATCAG	ATCGCTTAAG	2640
	ACAATTCTTT	GATTTTATTA	CAAACTTTGG	CATCATGATT	AAGGGTACTG	GCGAAGATAT	2700
50	TCATCCAACA	ACACTTCAAA	AGGTTCAAGA	AGAAGTAGAA	GGTCGACCTG	AACAAATGGT	2760
	CATTTCAACA	ATGATGTTGC	GTTCAATGCA	ACAAGCGCAT	TATGATGATG	TGAACTTGGG	2820
	ACATTTTGGC	TTATCAGCTG	AATATTATAC	GCATTTTACA	TCACCAATTA	GACGTTATCC	2880
55							

	AGAAGTGAAG CGTTGGGAAG ACAAATTGCC TGAGTTAGCT GAACATACTT CTAAACGTGA	3000
	ACGTCGTGCT ATTGAGGCAG AACGTGATAC TGATGaATTG AAAAAAGCAG AATATATGAT	3060
5	TCAACATATT GGTGATGAAT TTGAAGGTAT TGTCACTCA GTAGCTAACT TCGGTATGTT	3120
	CATTGAATTG CCAAATACGA TAGAAGGTAT GGTTCATATT GCGAATATGA CTGATGATTA	3180
	TTACCGTTTT GAAGAGCGTC AAATGGCATT AATTGGTGAG CGTCAAGCTA AAGTATTTAG	3240
10	AATTGGTGAC ACAGTTAAGG TTAAAGTGAC GCATGTTGAT GTAGATGAAC GATTAATTGA	3300
	TTTTCAAATT GTAGGTATGC CTTTACCGAA AAATGATCGA TCACAGCGCC CAGCGCGAGG	3360
	TAAGACAATT CAAGCCAAAA CGCGTGGTAA ATCATTAGAT AAATCAAAAT CTGATGATAA	3420
15	GGGTCGTAAG AAAAAAGGTA AGCAACGTAA AGGTAAAAAC CAACGTAATA ATGATAAATC	3480
	AGGTAATAGT AAGCATAAGC CATTTTATAA AGATAAAAGT GTGAAAAAGA AAGCACGTCG	3540
20	TAAGAAAAAA TAAGCAGCAA TGAGGTGAGT ATGAATGGCT AAGAAGAAAT CACCAGGTAC	3600
	ATTAGCGGAA AATCGTAAGG CAAGACATGA TTATAATATT GAAGATACGA TTGAAGCGGG	3660
	AATTGTATTG CAAGGCACAG AAATAAAATC AATTCGCCGA GGTAGTGCTA ACCTTAAAGA	3720
25	TAGTTATGCG CAAGTTAAAA ACGGTGAAAT GTATTTGAAT AATATGCATA TAGCACCATA	3780
	CGAAGAAGGG AATCGTTTTA ATCACGATCC TCTTCGTTCT CGAAAATTAT TATTGCACAA	3840
	GCGTGAAATC ATTAAATTGG GTGATCAAAC ACGTGAGATT GGTATTTCGA TTGTGCCGTT	3900
30	AAAGCTTTAT TTGAAGCATG GACATTGTAA AGTATTACTT GGTGTtGCAC GAGGTAAGAA	3960
	AAAATATGAT AAACGTCAAG CTTTGAAAGA AAAAGCAGTC AAACGAGATG TTGCGCGCGA	4020
35	TATGAAAGCC CGTTATTAAAG CGATTTAGTT GCTTAATCGG GCTATATTTG ATATAGTTAT	4080
	ATGTGCTTTT GTAAATTACA AAAGTATGAT TTGTTTGATT TATTATTTCTG GGGACGTTCA	4140
	TGGAFTCGAC AGGGGTCCCC CGAGCTCATT AAGCGTGTCTG GAGGGTTGTC TTCGTCATCA	4200
40	ACACACACAG TTTATAATAA CTGGCAAATC AAACAATAAT TTCGCAGTAG CTGCCTAATC	4260
	GCACTCTGCA TCGCCTAACA GCATTTCCCTA TGTGCTGTTA ACGCGATTCA ACCTTAATAG	4320
	GATATGCTAA ACACTGCCGT TTGAAGTCTG TTTAGAAGAA ACTTAATCAA ACTAGCATCA	4380
45	TGTTGGTTGT TTATCACTTT TCATGATGCG AAACCTATCG ATAAACTACA CACGTAGAAA	4440
	GATGTGTATC AGGACCTTTG GACGCGGGTT CAAATCCCGC CGTCTCCATA TTTGTAGCCT	4500
50	ACAGCCTTTG TGGTTGTGGG CTTTTTTATT TTGTGTTTTT CAGGGGATAA TGCAITGCAG	4560
	AATTTGTTGT GAGTATTGAT ATAGCAGTGT TTGTATAGGT GTTTATTTGA TGGAGGAAAG	4620
	AGTAATAAGT GATTATGAAT TAGTTTTTGA GATATAAGGG GACAGTGATG TGTGTCAAAT	4680

55

TTATACGCAA AAAATTCCTCC ATGTTATATA TGTCAATATA AAAATGTGAA TCGTCTACAC 4800
 TTAATTGGAT AAATGGCTAC TGAAAAAGAA CTTTTTCATT TTGTTACGTC ACTAAGTGGG 4860
 5 TGTAGTTATA AAGAGATGAG CCGAGTTTTG ATATTTTCAT TAGAATCAAT ATGCCTATTA 4920
 ACACAATCAG CAATAGTTGA CGAGACGGAA ATAAAAGAAG TCGTAGTTAA GAAATGCATT 4980
 TCACAACATA CCATTGTAGC CATTTTTATT GTTTTGGATG ATAAACTCTT TTTGGAATTT 5040
 10 TTAGTTTTTA TAATTTGCAA CTACACTACT TCTTTTACTA ATATTAATGT CTAAGTAATC 5100
 GATAAAAAAT TTTCCATTGA ATAAATGAGA AGTTAAAAAC TTTACTTAAC CTTTCyCATT 5160
 GCATTTTCCT ATTCACGATT TTAAGAACCC AACATACTAC AAACGAATTT TAAAAGGCGA 5220
 15 GAGTAAAGCT TACTTGTTTA TTATACATAT TTAAATCCA AGAGTCAGAA CAGACTACTC 5280
 CTCTTTTATA CTATAAAAA TAGCTATGAA AAAATCTATC GTCATAGATT CCTTCATAGC 5340
 20 TAATCTTAGT ATGTTTATTT TTATTTTAGG ATGCTATTTA TCAACTCAAC ATATAACTCA 5400
 CTATTTTTAT AACCTTCTAA TATATCATT ACTTGCTAA TAGGTATTTT TGGTACTTCT 5460
 CTAATGTTTT CCAATTTTGT TTAAATTGT TTTTTGTTA TTTGCTCTTT ATTTGTAGCC 5520
 25 AATTGGAACA AGTAAGAATC TAGCATATTA ATTTCTTTAT ATGAATACAT ATATCTTAAT 5580
 AACACTAAAT CTCTAGTTTT TAAGTTAGGC GCTAGTTCTT CTTGTAATTG TTCTATTGAT 5640
 TGTyTCATTA ATAACAATCT CATTTCTAAT TCTTCATTAT TCATTTTATC ACACTCTTtT 5700
 30 TATATTAATG CTTGACCAAC TTGGGAAACC CAAAACCCTA TGCTTCTTGC AGTAGAATCT 5760
 TTAATACCAG TTCCCATCAA TGCTTGTGAA ACTTGACCTT GTACATTTCC CCATGTAGCC 5820
 35 TCTTCTTGTT TTAATGCATT ATTCAATGCG GGATTTACAA ATTTATCCCA TCTTTTTTTT 5880
 ATGATTTTCC GGCACGGGGA CTGATTTCTT TAACACCATT AAACACAGAT TTTTATTTT 5940
 TAATCATAGC TTTATAGTAT CATGTTGGCT AAGCTATAAA TAAGTCAGTT TCTCTAAAAA 6000
 40 TTAAATAACT GAATGTAAGA CAATCAACAA WCCAAATTTA TACTTCATCT AAACCACTGT 6060
 GGTGTCATC TTTTGCTTT TCTTTTCTT TCTCTCGTTC TTGTTCTTTT TTGTACTCTT 6120
 CTTCAAATTC TTTTCTTTT TTTTCTACTT CTTCTCT 6157
 45

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 185:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 884 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

CATTGTGTTAT TCTGAGTAGC CAATTTGGCA AAGATGAACA AACGTCTGAA CAAACGTATC 60
 AAGTTGCAGT CGCATTAGAG TTAATTCATA TGGCAACACT TGTTTCATGAT GACGTTATTG 120
 5 ATAAAAGCGA CAAGCGTCGA GGCAAGTTAA CCATATCAAA GAAATGGGAT CAGACAACCTG 180
 CTATTTTAAAC TGGGAATTTT TTATTGGCAT TAGGACTTGA ACACTTAATG GCCGTTAAAG 240
 ATAATCGTGT ACATCAATTG ATATCTGAAT CTATCGTTGA TGTTTGTAGA GGGGAACTTT 300
 10 TCCAATTTCA AGACCAATTT AACAGTCAAC AGACAATTAT TAATTATTTA CGACGTATCA 360
 ATCGCAAAAC AGCACTGTTA ATTCAAATAT CAACTGAAGT TGGTGCAATT ACTTCTCAAT 420
 CTGATAAAGA GACTGTACGA AAATTGAAAA TGATTGGTCA TTATATAGGT ATGAGCTTCC 480
 15 AAATCATTGA TGATGTATTA GACTTCACAA GTACCGAAAA GAAATTAGGT AAGCCGGTCG 540
 GAAGTGATTT GCTTAATGGT CATATTACGT TACCGATtTT ATTAGAAATG CGTAAAAATC 600
 20 CAGACTTCAA ATTGAAAATC GAACAGTTAC GTCGTGATAG TGAACGCAAA GAATTTGAAG 660
 AATGTATCCA AATCATTAGA AAATCTGACA GCATCGATGA GGCTAAGGCA GTAAGTTCTGA 720
 AGTATTTAAG TAAAGCyTTG AATTTGATTT CyGaGTTACC aGATGGACaT CCGaGAtCAC 780
 25 TACyTTTAAG TTTGACGAAA AAAATGGGTT CAAnAAACAC GTAGTATTTA TgNAAAAGTA 840
 TTGAAAGCGC TTTACCAACC TGTTAATATA TAATAGTAAT ATAC 884

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 186:

- 30 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 6876 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 35 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 186:

40 AATTTTCATCT GCTCGTGCAA AATCITTGTT TTTCTTGCT TCATTACGCT CTTGATTAA 60
 TTTTCAACA TCTTCATCCA ATAATTCATC TGCATTTTTA GATTTTAACG GTACACCTAA 120
 AACATCGCTG AAAATTTGAT AAAGTGCTTT AAATTTATCA ATTACTTCTG TTGATGTTGT 180
 45 GTTCTCTAGT ACATATTTAT TCGCAAGTkt TGCTAAATCA TACCAAGCTG TAATTGCATT 240
 AGCTGTATTA AAATCATCAT TCATAACTGT TTCAAAAACGA TTTAAAATCG CATCAATTTG 300
 ATCAATATAT GTCTGTTGAT TTTCAATATT AGTAGCAATT TGTGCGCGCT CTTCAATTAA 360
 50 TTGATAACTA TTGCGAATAC GCTCTAGTcC aCTACGTGCT GATTCTACCA ATTCTAGATT 420
 ATAGTTAATT GGGCTTCTAT AATGTACGCT AATCATAAAG AATCTTAGTA CATCTGGATC 480

55

	ATTATCAATA TTAATGAAAC CATTATGCAT CCAATAATTA GCAAATGGCG CATGATTATG	600
	TGCTTCTGAT TGTGCTATTT CATTTTCATG ATGTGGAAAT TGTAATCTG AACCACCCGC	650
5	ATGTATATCA ATTGTAGGTC CTAGCTCATG AAATGCCATT ACAGAACATT CTATATGCCA	720
	TCCTGGTCTA CCTTCACCAA ATGGGCTATC CCAACTAATC TCGCCAGGTC CGCTTTTTTC	780
10	CACAATGTAA AATCAAGTGC ATCTTCTTTA TGCTCTCCTG CATCTATACG AGCACCCACT	840
	TTTAAGTCAT CTATGGATTG ATGACTTAAT TTACCATAAC CTTCAAATTT ACGTGTCTTA	900
	AAGTAAACAT CGCCACCACT TTCATATGCA TAACCTTGAT CCACCAAATC TTTAATAAAT	960
15	TGAATAATGT CATCCATATG GTCCATTACC CTTGGATTG AAGTCGCTTT TCTAACATTT	1020
	AACGCACCAA CATCTTCATG AAAAGCAGCG ATATATTTTT CTGCAATTTT GGAACAGAC	1080
	TGATTTAATT CTTGAGAACG TTTAATTAAT TTATCATCTA CGTCTGTAA ATTGATACA	1140
20	TATTCTACAT TATATCCTTG GTATTCAAAG TAACGTCTCA CTACGTCATA ATTAATTGCW	1200
	GGTCTTGCCT TACCAATATG AATGTAGTTA TATACAGTAG GACCACATAC ATACATTTTT	1260
	ACTTTCCTG GTTCTATAGG CTTGAACACT TCTTTTTGAC GTGTAAGCGT ATTATATAAT	1320
25	GTAATCATCT TGAATCTCTC CATTCCTAGT CTTTTCAAGT TGTCGTTCTA AATGCTTAAT	1380
	TTGTTTATAA ATTGGATCAG GTAGATGGCG ATGATCAAAT GTTTTTCCAA CTCGAACACC	1440
30	ATCTTGCTTA ACAATATGTC CTGGTATACC AACAAACGTT GAATAACTTG GAACTGATTG	1500
	TAAAACAACCT GAATTTGCAC CAATATTTAC ATTTGAATTT ATTTTAATAT TTCCTAAAC	1560
	TTTCGCACCG GCTGCTATTA AAACATTGTC TCCTATATCT GGGTGTCTTT TCCCTCTTTC	1620
35	TTTCCCTGTC CCACCAAGTG TCACGCCTTG ATAGATTGTC ACATTATCAC CAATTGTACA	1680
	TGTTTCTCCT ATTACAACGC CCATACCATG ATCTATAAAT AGACGCTTTC CAATTTTAGC	1740
	ACCTGGATGG ATTTCTATAC CTGTGAAAAA TCTTGAAATT TGAGATATCG CGCGTGCTGC	1800
40	AACATATTTT TTTTGGTTGT ATAACCTATG TGCAATCAA TGAATCCAAA CTGCATGTAA	1860
	ACCTGCATAC GTTGTAATGA CTTCTAATGT TGAACGTGCC GCTGGATCCT GCTCAAATAC	1920
	CATTTTTATA TCGTCTCTCA TTCTTTTTAA CAAGATCATT TCCTCCTCAA TGATTGAACT	1980
45	ACGTAAATAC ATAATTGAAG TACCTGCGAA ATTAAATATC AAAAAAGCAC CACTAACATA	2040
	CAAATTGTAT TGTTAGAGGC GCTTCCGCAC GGTCCACTC TGAATTTAGC GAATAACATT	2100
50	AATAATATTG CGGGCGCTTC CAAATTATCA AGGAACTAA GTCAACTTAA TGCTCATCAC	2160
	TCTCATTATA TATTTAATTC ATTTTACGAA GGTGCATTCA TTAATTTCTA CGTTGTACTC	2220
	ACAGCAACCG TACACTCTCT GCATCGTATA AATTTAATTA CTAATCCTTC GTTTTATATA	2280
55		

	ATAAAATTCA AGTATATACT ACCTTGATCT TGTCTATTTC ATTACTTATA TTGTTTTAAA	2400
	CGGTTTAGCA CTTTTTCTTT ACCAAGTACT TCAATTGTAT TTGGTAATTC AGGACCATGC	2450
5	ATTTGGCCTG TTACAGCAAC ACGAATAGGC ATAAATAATT GCTTGCCTTT TATTCCTGTT	2520
	TCTTTTTGAA CTTCTTTAAT TGTCTTTTAA ATTTACAGCG CTTCAAATGG TTCAAGTGCT	2580
	TCTAATTTAC TGAATAAGTG CGTCATTAAC TCTGGTACTT GCTCTCCATT AATCACTTGT	2640
10	TGTTCTTCTT CACCAAGAGC TGGCATTCTT TTAAAGAACA TTTCTGATAA AGGTACAATT	2700
	TCACCGGCAT AACTCATTTC TTTTGTATAA AGCGCAATTA ATTTGCGTCC CCAAGATAAA	2760
	TCCTCTTCTG ACGGCACCTC AGGAATCAAA TTTGCTTTAA TTAAATGAGG TAATGCTAAT	2820
15	TGGAATACTG TTTCAGTATC TTTTGTGTTT ATATATTGGT TATTAACCCA TGCTAATTTT	2880
	TGCTTATCGA AAAATGCTGG TGATTTTGAC AAACGCTTTT CATCAAAGAT TTTGATAAAT	2940
20	TCTTCTTTAG AAAAGATTTC TTCTTCACCT TCAGGAGACC AACCTAATAA CGCAATAAAA	3000
	TTAAATAACG CTTCAGGTAA ATAACCTAAG TCACGATATT GCTCAATAAA TTGTAAAATT	3060
	TGCCCCATCAG GTTTACTTAA CTTTTTACGT TCTTCATTAA CAATTAATGA CATATGACCA	3120
25	AAACGAGGTG GCTCCCAGCC AAATGCTTCA TAAATCATAA TTTGTTTAGG CGTGTGTTGAA	3180
	ATATGATCAT CACCACGAAT TACATCTGAA ATTTGCATGT AATGATCATC TATAGCTACT	3240
	GCAAAATTGT ACGTTGGAAT GCCATCTTTT TTTACGATAA CCCAGTCACC AATACCATT	3300
30	GAATCAAATG AAATATTTCC TTTTACCATA TCATCAAATG AATACGTTTG GTTTTGAGGT	3360
	ACTCGGAAAC GAATTGATGG TTGGCGTCTT TCTGCTTCAA ATTGTTGACG TTGTTCTTCA	3420
35	GTCAAATGCG CATGTTGACC ACCATAGCGA GGCATTTTAC CACGAGCGAT TTGCGCTTCA	3480
	CGTTCAGCTT CTAATTCTTC TTCTGTCATA TAGCATTTAT ATGCTTTATC TTCTGCTAGT	3540
	AACTGATCTA TTAATGGTTG GTAGATATGT TGACGTTTCA ATTGACGATA TGGTCCGTAG	3600
40	CCAATTGTCTT TATCTACAGA CTCATCCCAA TCTAATCCTA ACCATTTAAG ATTATCAAAT	3660
	TGTGATGTTT CTCCATCTTC TAAATTACGT TTTTATCAG TATCTTCAAT TCGAATCACA	3720
	AAATCTCCGT TGTAATGTTT AGCATACAAG TAATTGAATA ATGCTGTTCT TGCATTACCA	3780
45	ATATGAAGAT ACCCAGTTGG ACTGGTGCA TATCTTACTC TTATACGATC GTCATTTTTT	3840
	TTCACTCCTA AATTAAATAT CAGATTTTCA AGTTAGTTCA TATAAATTGT TCATTTGCTA	3900
	TCTTCGACCG TCATAACAAA TGTCTAACTC GTCTTATTGT TAAAACGAAA CAATGCTTTT	3960
50	TAACATGACC TTAAAATAAT TTCATTGTTT AATCATAACA TAATCCCTG GGTAAATATGC	4020
	TTAAATTTTA AATAGAAAGC TGTGTTTTT TCAACACTTT AAAAAAGCTA TCCCTAAGAA	4080
55		

	TTAAACTTCA AATTAACAT TCAAATACGT TAAAATTGAT TCTAATTTTG TATGTCTTGA	4200
	TTGCTATAAG AATAACTTTA TTAATATCTA AAATTTAACA CTTAATGAAC TTGTTTCAAT	4260
5	GATATATTAG CACTATTTGT ATTTTTTGAT AACTAATATG TTTTGCATTT ATTTATAGTT	4320
	ATACTTCAAA TTACAAACTE CGCCATTTCA TATACCTTTT AATATCTATT TTGTTTTCGT	4380
10	CAACTACAGT TTTTATAATG ATACTGTATC TTCGATTTTT TTAGCAAAAA CAATTCTTCC	4440
	TGAAGATGTT TGCAATAAGC TGACTACTTC TAAATTGACA TGACTGCCAA TAAGATTTTT	4500
	AGCATTATCA ACAACTACCA TCGTACCATC ATCTAGATAT CCTACTGCCT GACCAGGCTC	4560
15	CTTACCCATT TTTGTGAGTA AAATATGCAG TTGATCACCT TGATGTACAT TAGGTTTGAT	4620
	TGCTTCTGAT AAATCATTAA CATTTAATGC TTTGATACCA TGTACATGAC AAACCTTTATT	4680
	TAGGTTGAAA TCTGTCGTTA TAATACTTGC ATGATATTGT TTTGCTAATT TTAATAACAT	4740
20	CGTATCAATA TCACTATGTG TTTTAGTTGG ATGTATAACC TTTGTAGGAT AGTCTAAATC	4800
	ATACAATTCA TTTAAATAT CTAAGCCTCT TTTACCCTTT TCaCGTTTAA CACTGTCATT	4860
	TGAATCTGCA ACAATTTGTA ATTCATTAAT AACACCTTGT GGAATTAAAA TATTGCCATC	4920
25	GATAAAACCG CAACGAATGA CTTCTAAAT ACGACCATCA ATAATTGCGC TTGTGTCGAT	4980
	AATTTTTGGC GTAgcaCTT TaGTATGTTG TGACATGGAA CGCGCTATAT TCTCAGGTAA	5040
30	AAACATTAAC ATTTTCATCTC GTTTTTTAAG GCCAAATTGG AAACCGAAAT AACATAGTAA	5100
	TATCGTAATT ATGACAGGAA TGAAATGATT AAAAATAGAG TTGCCAATTG ATTCTAATAT	5160
	AAACGACACC ATAACAGAAA TAAGTAATCC GATTATTAAA CCTATTGTTG CGAATAGTAT	5220
35	TTCAACAGCA CTTCTACGCA TAATAAAATG TTCTAAACCT TTTATAGCGT TAGTAACTCG	5280
	TCTAATAAAT ACACCAAAAA TTAAGAACAT AAAAATACTA CCGATAATGC CATCTACATA	5340
	GTGAATTTTT AAAAAGCTGG AGTTTTGTAA TCCAAGATCA TTTGCAATTT CAGGAATAAT	5400
40	AATTATTCCT AATGCGCTCC CAATAATTAA GTAAATAATA ATAACCATTA GTTTAACGAT	5460
	ATTCACACAA TGTCTCTCTT TCTTGATGTT TTATGAATGA AGAGCAAATG ACAATACTTC	5520
	ATGTACAGTA GTTACACCTA TTACTTGTAT ACCTTCAGGA TATGTCCATC CGCCTATATT	5580
45	ATTTTTAGGA ATAATTACAC GTTTGAAACC TAGTTTTGCA GCCTCTTGCA CGCGTTGTTC	5640
	TATCCGAGAT ACACGACGTA CCTCACCCGT TAAACCAACT TCTCCAATAT AGCAATCTAA	5700
50	TCCGTCGACA GCTTTATCTT TAAAGCTAGA TGCAGTTGCT ACAATTACAC TTAAATCAAC	5760
	TGCTGGCTCC GTTAACTTTA CACCGCCAGC TACTTTGATA TAAGCATCTT GTTGTGTGAA	5820
	TAGATAATTT TCTTTCTTTT CAAAACAGC CATCAACAAA CTTAATCGAT TATGATCAAT	5880
55		

TATTAAAAGT GGTCTGGTTC CCTCCATGGT TGCAACAATT GTTGAACCTG GAACATTGTG 6000
 TGAACGTTCT TCTAAAAACA TTTCAGATGG ATTATTTACA CCTTTTAATC CACTTTGCTT 6060
 5 CATTTCGAAG ATTCCcATTT CATTCGTTGA ACCAAAACGG TTTTAAACAG CTCGCAAAAT 6120
 TCGATATGCG TGGTGTTCAT CGCCTTCAAA ATAAAGCACA GTATCaACCA TGTGTTCTAG 6180
 CAATCTTGGG cCCAGCAATT TGACCTTCTT TCGTTACATG ACCCACTATA AAAGTTGCaA 6240
 10 TGTTCATTTG TTTAGCAATA TTCATTAAAC TTTGTGTACT TTCACGAACT TGTGAAACAG 6300
 AACCTGGCGC AGAGCTGATT TCAGGATGAT ATATTGTTTG AATCGAATCC ACTACTAATA 6360
 AATCAGGTTG TTCTTCTTTT ACTGTTTGAT AAATAACTTC AAGATCTGTT TCAGCTAATA 6420
 15 CTTGCAATTC ACTTGAATCT TCATCTAATC GCTCTGCACG TAATTTAGTC TGAATAAGCG 6480
 ATTCTTCTCC AGTAATATAT AGTACTTTTT TCTTTTGAGA TAACGATGCA CAAATTTGTA 6540
 20 AAAGTAACGT TGACTTACCA ATACCTGGAT CCCCAACCAAT AAGTACTAAC GATCCGCTCA 6600
 CAATACCTCC ACCTAATACA CGGTTGAATT CTGCTGAATC TGTTAACACT CTCGGCGTTG 6660
 TTTCATGTTT AATACTATTT AATTTTTGTA CTTTACCTGC TAATTCCTTG GTTTTAACTC 6720
 25 CATGTTTAGG ATTGGCTGCT TTTTCAACAA TTTCTCCAT TTGATTCCAA GCGCCACAAT 6780
 TAGGACATTT CCCCATCCAT TTAGGAGATT GATAACCACA AGCCATACAT TCAAAAATCA 6840
 CTTTTTCTT GGCCArAATT GCACCTCCAC TTTCTT 6876
 30

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 187:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1193 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

35

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 187:

40

CAACTCAAAC AGCAGAACAA CGTCGTGAGT TGATTAAATGG TGTATTTACT GACATTAATC 60
 CCATACATTA AAAATATGAT GTACGTGTTA GCAGATAATA GACATATCTC ATTAATAGCT 120
 45 GACGTATTCA AGGCGTTCCA AAGCTTATAT AACGGACACT ACAATCAAGA TTTTGCAACA 180
 ATTGAGTCAA CATATGAATT GAGTCAAGAA GAGTTAGATA AGATTGTCAA ACTAGTAACT 240
 CAACAAACGA AGTTATCTAA AGTTATTGTA GATACAAAAA TTAATCCAGA TTTAATTGGT 300
 50 GGATTTAGAG TTAAAGTCGG CACAACTGTA TTAGATGGTA GTGTTAGAAA TGATCTTGTC 360
 CAATTACAAA GAAAATTTAG AAGAGTTAAT TAATTATAAA GAGGAGTGAC ATAGATGGCC 420

55

ATGTCCGTAA CTGATGTAGG TACTGTATTA CAAATTGGTG ATGGTATTGC ATTAATTCAC 540
 GGATTAAATG ACGTTATGGC TGGTGAGCTA GTAGAATTCC ATAACGGCGT ACTTGTTTAA 600
 5 GCCCAAAACC TTGAAGAGTC AAACGTGGGT GTGGTTATTT TAGGACCATA CACAGGTATT 660
 ACTGAAGGTG ACGAAGTTAA ACGTACTGGT CGTATCATGG AAGTACCAGT AGGTGAAGAA 720
 10 CTAATCGGAA GAGTTGTAA TCCATTAGGA CAACCTATTG ATGGACAAGG ACCGATTAAAC 780
 ACAACTAAAA CACGTCCaGT AGAGAAAAAA GCTACTGGTG TAATGGATCg TAAATCAGTA 840
 GATGAGCCAT TACAAACAGG TATCaAAGCA ATTGATGCTT TAGTACCAAT TGGTAGAGGT 900
 15 CAACGTGAGT TAATCATCGG TGACCGTCAA ACAGGTAAAA CAACAATTGC AATTGACACA 960
 ATTTTGAACC AAAAAGATCA AGGTACGATT TGTATCTATG TTGCTATTGG TCAAAAAGAT 1020
 TCAACAGTAA GAGCAAATGT TGAAAAGTTA AGACAAGCAG GCGCTTTAGA CTACACTATT 1080
 20 GTTGTAGCAG CATCAGCTTC TGAACCTTCT CCATTATTAT ATATTGCACC ATATTCAGGT 1140
 GTAACAATGG GTGAAGAATT CATGTTTAAAC GGTAAACATG TTTTAATCGT TTA 1193

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 188:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 5549 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 188:

TGCTAAGAAG TCAAAATAAA CTAACtATna AACATCTAGT ACGATTATTA AAGTGACAGA 60
 TnATAAAATT GAATTATtNa GAGAAGGAGA TATAAAGTTT GAAGAAATAA AAGAAAGACT 120
 AGGTAcAGGT ATTATTTATG AATAAGTTAA TACTTGGGAT TTATTTATAC CGAATTTTTT 180
 40 CACGAGCATA CTTTTATTTA CCGTTTTTAT TAATTTACTT TTTGATTCAA GGTTATTCCA 240
 TAATACAATT AGAAATATTA ATGGCGTCTT ATGGCATTGC AGCATTTTTA TTCTCTCTAT 300
 ACAAAGAGAA GTGTTTTTAA ATTTGTAACt TAAAAGATTC TAATAAATTA GTTGTTAGTG 360
 45 AAATATTCAA AATCATCGGT TTATTGTTGT TATTATATCA AAATCAATAT TTAATTTTAG 420
 TAGTGGCACA AATATTATTA GGGTTAAGTT ACTCAATGAT GGCGGGTGTT GATACCGCAA 480
 TAATTAAGAG AAATATAACA AATGAGAAAT ACGTACAAAA TAAGTCAAAT AGCTATATGT 540
 50 TCCTATCATT ATTAATTTCA GGGATTATAG GTAGTTATCT TTATGGAATA AATATTAAAT 600
 GGCCTATAAT AATGACTGGT ATATTTTCAA TTCTAACAAT TATAATTATT CGATGCACAT 660

	TACCAGAAGA GAAGTTTTGG ATATTGCATT ATTCTTTTTT AAGAGCGTTA ATATTAGGAT	780
	TTTTTATAGG ATTTATTCCA ATTAATATAT ATAATGATTT AAAACTGAAT AATTTACAAT	840
5	TTATTTCACT ATTAAGTTGT TACACAGTTA TGGGTTTTGT ATCTTCACGT TATTTAACTA	900
	AATACTTGAA TTATAAGTTT GTGTCAGAAA TTTGTTTAGT AATATTTTTTA ATAATATATA	960
10	CATATCAAAG TTTCATAGCA GTTACTATTT CTATGATATT TTTAGGTATT TCTTCAGGGT	1020
	TAACTCGTCC ACAAACCTATA AATAAACTTT CTAGCAGTAG TAACTTAAGA GTGATGCTTA	1080
	ATTATGCAGA AACGTTATAT TTTATTTTTTA ATATCGCATT TTTACTTATG GGTGGTTACT	1140
15	TATATACAAT AGGAACTATT CAATACTTAA TATTATTTAT TTCGTTATTA ATTTTTATAT	1200
	ATTTAATAAT AATATTTYAT TTTACAAGGA GAGAGCAACA TGAAAATAAA AACTGAATTT	1260
	AAAGGGAACA ATATACCATA TGAATACGCA GCAGGTGCAG ATGTGAGTGA TTCTATTAAC	1320
20	GGGAATCCAA TTAAGTCATT TCCATTTGAA GTAATTGAAT TACCGGAAGG gACTAAATAT	1380
	CTTGCTTGGT CTTTAATTGA CTATGATGCA ATTCCTGTAT GTGGCTTTGC TTGGATTCAT	1440
	TGGAGTGTAG CTAATGTAAG TGTTAGTGGC AATTCAATTT CTATAAAAGC AGATTTATCA	1500
25	AGAACAAAGG GCGACTATGT ACAAGGTAAA AATAGCTTTA CTAGTGGGTT GTTGGCTGAA	1560
	GATTTTTTCAG AAATAGAAAA TCACTATGTA GGACCTACAC CACCTGATCA AGATCATCAA	1620
	TATGAATTAA CAGTTTATGC GTTAGATCAT TCTTTAAATT TGAAGAATGG GTTCTACTTG	1680
30	AATGAATTTT TAAAAGAAGT AAATCAACAT AAAATTGATC AAACAAGTAT TAACCTTATA	1740
	GGAAGAAAAA TTAAATACTA AATATCTCAT CAATATAAAA TTGTTCAATT AAAAGTACAA	1800
35	AGAAACAAAG GTTTTAATTT ATATATTAGG TACGGCGTTC GCTATAATGC AAAGAACTAA	1860
	TTAAATTTAA GAAATGTAAA CTTAGTTATT GTAATGTGAA TTTATTTGAA AAAATAGAAA	1920
	GTATTAACAA TTATAGCTTT TACATTAATT AAAATTTATT TTTAAAAACA AGTAAACAAT	1980
40	TTACATACTT ATAATTTTTG AAAATTTTCA ATTTGTGTTA TATTGATTTT GTAAGATACT	2040
	TTAACTCACA AAGGAGAGAG AGTATATGAA ATTAAAATCA TTTATAACTG TAACTTTGGC	2100
	ACTGGGCATG ATCGCAACGA CTGGCGCTAC TGTGGCAGGT AATGAGGTAT CTGCAGCAGA	2160
45	AAAGGACAAA CTACCGGCAA CTCAAAAAGC TAAAGAAATG CAAAATGTTC CATATACAAT	2220
	TGCAGTAGAT GGCATTATGG CTTTCAATCA ATCTTACTTA AATTTACCAA AAGATAGCCA	2280
	ATTATCATAT TTAGATTTAG GAAATAAAGT TAAAGCTTTG TTATATGATG AACGCGGTGT	2340
50	AACACCTGAG AAGATTCGAA ATGCAAAATC TGCCGTTTAC ACGATTACTT GGAAAGATGG	2400
	TAGTAAAAAA GAAGTGGATC TTAAGAAAAGA TAGCTACACA GCAAACCTGT TTGATTCAAA	2460

55

	CAACATGAAG CATTTAATTT TACAGTGATG ATTATAAAAT AATTGCCTTG ATACAAAGAT	2580
	TACTCGTAAA TGACATCTTT GTATTAAGGC TTTTCTAAA TTTAAAAGTG ATGGGTAGA	2640
5	GGTCATTGAG CTTTAAATA TTCAAATAC AAAACATTAA TGGCCAAAA TAAAGCCGC	2700
	CTTATCTGG GCAGCTTCAA TAATAAGAAA GACATATTTT ATTTTATACT AAATAGTTAT	2760
	TGTGATGAAT CTTTCGGCGG TTTAATTACT GCAGCAAAA TTGCTGTGAA AATCGTGAAC	2820
10	AATACTGCCA TGATAATTGG ATTCACTACA TTTAAGCTGT CTCCACCTAC TAGGCTATTA	2880
	AGTACAAAGT TAACCATTGG CATTAATAAT AATGCCAAA AGAATGTTAC GAGGTGTTTC	2940
15	ATGTCATTCT ACCTCCACTT TAATTATATA TATTTTATTT TAAGTGAAAG TTAGAAATTT	3000
	GTATAGTAAC ATCTCATATA TTTTGACCAT ATTATACAGT TTAATAAAT GATTTTATCT	3060
	GAATGGCTAT TCTAAATTAA GCGCATTAAC ACCAATTTCA TACTGAAATT TGACGATAAT	3120
20	AAAGCATTAA AATTTTATTA ACTAGTCAAT ATTCCTACCT CTGACTTGAG TTTAAAAAGT	3180
	AATCTATGTT AAATTAATAC CTGGTATTAA AAATTTTATT AAGAAGGTGT TCAACTATGA	3240
	ACGTGGGTAT TAAAGGTTTT GGTGCATATG CGCCAGAAAA GATTATTGAC AATGCCTATT	3300
25	TTGAGCAATT TTTAGATACA TCTGATGAAT GGATTTCTAA GATGACTGGA ATTAAAGAAA	3360
	GACATTGGGC AGATGATGAT CAAGATACTT CAGATTTAGC ATATGAAGCA AGTTTAAAAG	3420
	CAATCGCTGA CGCTGGTATT CAGCCCGAAG ATATAGATAT GATAATTGTT GCCACAGCAa	3480
30	CTGGaGATAT GCCATTTCCA ACTGTCGCAA ATATGTTGCA AGAACGTTTA GGGACGGGCA	3540
	AAGTTGCCTC TATGGATCAA CTGCGAGCAT GTTCTGGATT TATGTATTCA ATGATTACAG	3600
35	CTAAACAATA TGTTCATCT GGAGATTATC ATAACATTTT AGTTGTCGGT GCAGATAAAT	3660
	TATCTAAAAT AACAGATTTA ACTGACCGTT CACTGCGAGT TCTATTTGGA GATGGTGCAG	3720
	GTGCGGTAT CATCGGTGAA GTTTCAGATG GCAGAGGTAT TATAAGTTAT GAAATGGGTT	3780
40	CTGATGGCAC AGGTGGTAAA CATTATATT TAGATAAAGA TACTGGTAAA CTGAAAATGA	3840
	ATGGTCGAGA AGTATTTAAA TTTGCTGTTA GAATTATGGG TGATGCATCA ACACGTGTAG	3900
	TTGAAAAAGC GAATTTAACA TCAGATGATA TAGATTTATT TATTCCTCAT CAAGCTAATA	3960
45	TTAGAATTAT GGAATCAGCT AGAGAACGCT TAGGTATTTT AAAAGACAAA ATGAGTGTTC	4020
	CTGTAAATAA ATATGGAAAT ACTTCAGCTG CGTCAATACC TTTAAGTATC GATCAAGAAT	4080
	TAAAAAATGG TAAATCAAA GATGATGATA CAATTGTTCT TGTCGGATTC GGTGGCGGCC	4140
50	TAACTTGGG CGCAATGACA ATAAATGGG GAAATAGGA GGATAACGAA TGAGTCAAAA	4200
	TAAAGAGTA GTTATTACAG GTATGGGAGC CCTTCTCCA ATCGGTAATG ATGTCAAAAC	4260
55		

TGAACCTTAT AGCGTTCCT TAGCAGGAGA ACTTAAAAAC TTTAATATTG AAGATCATAT 4380
 CGACAAAAAA GAAGCGCGTC GTATGGATAG ATTTACTCAA TATGCAATTG TAGCAGCTAG 4440
 5 AGAGGCTGTT AAAGATGCGC AATTAGATAT CAATGAAAAT ACTGCAGATC GAATCGGTGT 4500
 ATGGATTGGT TCTGGTATCG GTGGTATGGA AACATTTGAA ATTGCACATA AACAATTAAT 4560
 10 GGATAAAGGC CCAAGACGTG TGAGTCCATT TTTCGTACCA ATGTTAATTC CTGATATGGC 4620
 AACTGGGCAA GTATCAATTG ACTTAGGTGC AAAAGGACCA AATGGTGCAA CAGTTACAGC 4680
 ATGTGCAACA GGTACAAATT CAATCGGAGA AGCATTTAAA ATTGTGCAAC GCGGTGATGC 4740
 15 AGATGCAATG ATTACTGGTG GTACAGAAGC ACCAATTACT CATATGGCAA TTGCTGGTTT 4800
 CAGTGCAAGT CGAGCGCTTT CTACAAATGA TGACATTGAA ACAGCATGTC GTCCATTCCA 4860
 AGAAGGTAGA GATGGTTTTG TTATGGGTGA AGGTGCTGGT ATTTTAGTAA TTGAATCTTT 4920
 20 AGAATCAGCA CAAGCTCGAG GTGCCAATAT TTATGCTGAG ATAGTTGGCT ATGGTACTAC 4980
 AGGTGATGCT TATCATATTA CAGCGCCAGC TCCAGAAGGT GAAGGTGGTT CTAGAGCAAT 5040
 GCAAGCAGCT ATGGATGATG CTGGTATTGA ACCTAAAGAT GTACAATACT TAAATGCCCA 5100
 25 TGGTACAAGT ACTCCTGTTG GTGACTTAAA TGAAGTTAAA GCTATTAAAA ATACATTTGG 5160
 TGAAGCAGCT AAACACTTAA AAGTTAGCTC AACAAAATCA ATGACTGGTC ACTTACTTGG 5220
 TGCAACAGGT GGAATTGAAG CAATCTTCTC AGCGCTTTCA ATTAAAGACT CTAAAGTCGC 5280
 30 ACCGACAATT CATGCGGTAA CACCAGATCC AGAATGTGAT TTGGATATTG TTCCAAATGA 5340
 AGCGCAAGAC CTTGATATTA CTTATGCAAT GAGTAATAGC TTAGGATTGCG GTGGACATAA 5400
 35 CGCAGTATTA GTATTCAAGA AATTTGAAGC ATAACTATAA NAATCTTCAG TAACGTTGTT 5460
 TTAGTTACTG AAGATTTTTT CaGTTTCTTT ATACTAAGAT GAGCGACaCa CAATCGTCAT 5520
 AATAAAATAT GAATATTTAT TAATAATAA 5549

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 189:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 4832 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 189:

AGATTATAGT AAGATTGATA GTTTGGCGAC TGaAGCgCGa GaAAAAATTAT CAGaAGTAAA 60
 mCCTTTAAAT ATTGCACAAG CTTCTAGAAT ATCAGGGGTA AATCCAGCAG ACATATCTAT 120

	TGGTTAGCAG AACAAATTAAA AGAACATAAT ATTCAATTAA CTGAGACTCA AAAACAACAG	240
	TTTCAAACAT ATTATCGTTT ACTTGTTGAA TGGAATGAAA AGATGAATTT GACAAGTATT	300
5	ACAGATGAAC ACGATGTATA TTTGAAACAT TTTTATGATT CCATTGCACC TAGTTTTTAT	360
	TTTGATTTTA ATCAGCCTAT AAGTATATGT GATGTAGGCG CTGGAGCTGG TTTTCCAAGT	420
10	ATTCCGTTAA AAATAATGTT TCCGCAGTTA AAAGTGACGA TTGTTGATTC ATTAAATAAG	480
	CGTATTCAAT TTTTAAACCA TTTAGCGTCA GAATTACAAT TACAGGATGT CAGCTTTATA	540
	CACGATAGAG CAGAAACATT TGGTAAGGGT GTCTACAGGG AGTCTTATGA TGTTGTTACT	600
15	GCAAGAGCAG TAGCTAGATT ATCCGTGTTA AGTGAATTGT GTTTACCGCT AGTTAAAAAA	660
	GGTGGACAGT TTGTTGCATT AAAATCTTCA AAAGGTGAAG AAGAATTAGA AGAAGCAAAA	720
	TTTGCAATTA GTGTGTTAGG TGGTAATGTT ACAGAAACAC ATACCTTTGA ATTGCCAGAA	780
20	GATGCTGGAG AGCGCCAGAT GTTCATTATT GATAAAAAAA GACAGACGCC GAAAAAGTAT	840
	CCAAGAAAAC CAGGGACGCC TAATAAGACT CCTTTACTTG AAAAATAATG CATAATCCTT	900
	TACAACTAAC ATAAAAGGAG CGAATGGATA ATGAAAAAAC CTTTTTCAA ATTATTTGGT	960
25	TTGAAAAACA AAGATGACAT CATTGGACAT ATTGAAGAAG ATCGCAATAG TAATGTTGAA	1020
	TCCATTCAAA TTGAACGTAT CGTTCCCAAC CGTTATCAAC CAAGACAGGT GTTTGAACCA	1080
30	AATAAAATTA AAGAACTTGC TGAATCAATA CATGAACATG GTTTACTACA ACCTATTGTT	1140
	GTAAGACCGA TTGAAGAAGA TATGTTTGAA ATTATTGCTG GAGAGCGCCG ATTTAGAGCA	1200
	ATACAATCAC TAAATTTACC TCAAGCAGAC GTTATTATTC GTGATATGGA TGATGAAGAG	1260
35	ACGGCTGTTG TTGCATTAAAT TGAGAATATT CAAAGAGAAA ATTTGTCTGT TGTTGAAGAA	1320
	GCGGAAGCCT ATAAGAAATT ATTGGAAATT GGTGATACAA CGCAAAGTGA ATTGGCAAAA	1380
	AGTTTAGGTA AAAGTCAAAG CTTTATTGCA AATAAGTTGC GTTTATTGAA GTTGGCGCCG	1440
40	AAAGTACTAC TTCGCTTAAG AGAAGGTAAA ATTACTGAAC GTCATGCGAG AgcGGtATTA	1500
	TCATTGTCTG ATAGCGAACA AGAAGCGTTG ATTGAGCAAG TCATTGCACA AAAGCTAAAT	1560
	GTGAACAGAC TGAAGATAGA GTACGCCAAA AAACGGGGCC CGAAAAAGTC AAAGCACAAA	1620
45	ACCTTCGCTT TGCACAAGAT GTCACTCAAG CACGAGATGA GGTAGGCAAA AGTATCCAAG	1680
	CGATTCAACA AACAGGATTA CATGTTGAGC ATAAAGACAA AGATCATGAA GATTATTATG	1740
50	AAATAAAAAAT TCGAATATAT AAACGTTaGT AGTAGGATGT CGTATACATG ATGACTAACA	1800
	CATAAAAGAC AAAGCTAAGA TCATAACAGC TTTGTCTTTT TTTTTTGT TT TACGTGAAAC	1860
55	ATAAAAATTT ATATTTATAT GTTGATCAGG CTGGTACATA AATCAATGTT CTATGCTCTA	1920

	TTCTAGTCAA CCTTGCTGGG GTGGGACGAC GAAATAAATT TTGCGAAAAT ATCATTCTCTG	2040
	TCCCACTCCC TAATTTGAGC TGGATATACT TTCATTGAA CCCTTTATTG CTAGTTTATG	2100
5	AAAGTATCAT GAAAGCTTTA TGAACATCGC TTGAGTTGCC TTTACAGTAG AAAATTTAAG	2160
	TTTACACTT TGTGTGAATG ATACGTTTTG TATTGAATTA ATTATAGAAA GGTACGTTGA	2220
	AGATGTTTTT AATTGGAAGT GCAATTCTTC ATTTTGTTCAT TGGTGGTATC GCTGTTGCAT	2280
10	TAGCTTCAAT TATTGCTGAT AAGGTAGGTG GTAAGTTAGG AGGTATTATA GCTACTATGC	2340
	CGGCAGTCTT TCTTGCGGCT ATTATCGCAT TAGCTTTAGA TCATCGTGGT ACGCAATTAG	2400
15	TGGAGATGTC GATGAATCTT AGTACTGGAG CAATTGTCGG TATTCTGTCT TGTATATTAA	2460
	CTGTATTTTT GACATCTCTC TACATTAAGC ATAAAGGTTA TCGGAAAGGC GCAATATTCA	2520
	CAGTTGTTTG TTGGTTTGTC ATTTCCCTCG CAATATTCAG TATTAGACAT TTATAGTTTG	2580
20	GAAAATGCGT GATAATTAGT TGTATTCACT TATTAAGTAA TAAATTATTG GAGGCAGAAC	2640
	ATCATGAAAT TAACATTAAT GAAATTTTTT GTGGGGGGAT TTGCAGTATT ATTAAGTTAT	2700
	ATTGTATCTG TAACACTACC TTGGAAAGAA TTTGGCGGTA TATTTGCaAC GTTCCCGCA	2760
25	GTATTTTTAG TGTCTATGTT TATTACAGGT ATGCAATATG GTGATAAAGT CGCTGTGCAT	2820
	GTAAGTCGTG GCGCAGTGTT TGGTATGACA GGGGTATTAG TTTGTATTTT AGTTACATGG	2880
	ATGATGTTAC ATATGACGCA CATGTGGTTG ATTAGCATTG TTGTTGGTTT CCTAAGCTGG	2940
30	TTTCATCAGT CAGTATGTAT TTTTGAAGCG GTAGAATTTA TAGCACAAAA AAGATTAGAA	3000
	AAGCATAGTT GGAAAGCTGG AAAATCGAAT AGTAAATAGT GTGAACGTAA TCTCTTAACT	3060
35	AGGACTAACT TTGCAAGCAT TGAATAGCAT GGAAAAGTTG CATCATTAAT AAGTGAAATT	3120
	CAAGTTGGCA TTGAGAAAAAT TACAAGCGCG TAATCATACa GGTCTGTCTT AAGGGAGTCT	3180
	TCGAACCCCG ATGTTGTCGT ATGTCAAAAC ATTTAGTCAA TCATAAAGGT GACTTGATTT	3240
40	AACTTTATCT GATAGTCTGA TTGTAATGAT TGTAATAATT GACTGGAGGC GTATGTAATT	3300
	GAATCTGAGT AAACAAATTA AAAAGTATAG GGAACGAGAT GGTTATTAC AAGAATATCT	3360
	TGCTGAAAAG TTATATGTAT CTAGGCAGAG TATTTCTAAT TGGGAAAATG ACAAAGCTT	3420
45	ACCAGACATA CATAACTTAT TAATGAYGTG TGAATTGTTT AATGTAACCT TAGATGATTT	3480
	AGTAAAGGG ACCATTCCAT TTGTACCTGA TATTAAAGCG CAACGAAGTC TTAACCTATG	3540
	GACATATGTG ATGCTTATTT TCATGACATT AGCTGCAATT TTAATGGGAC CTTTAGTTGT	3600
50	TTATTGGAAT TGGACTTGGG GTGTAACGGT GGCAATCATT TTGGGAATAG GTTTTTATGC	3660
	ATCTATGAAA ATAGAAGATT TAAAAAAGT GCATAAAATG GACAACTACG ATCGAATTGT	3720
55		

5 GACAAATGCG CTTTCTATTA TATCAGTAAT TGGTATACTC AGCCTCATAA TTTTCCTTAG 3840
 TGTGTATTTG GCAAATAAGT TTTTATAAAT CATCGTGGTA TCGTCTCATA TTATTTATAT 3900
 10 TATCCAAAAT AGCATAAAAA AATACCAACA AGATTTAGAA CCTGTGTGGT AATCAAAGCG 3960
 aTTCATTTAT AATGAGTCGT TTTATGTTGT AAGATTAAAC AGTTTGTACG TTAAGTCTT 4020
 GGTCTCCACG TTGACCTTCA GTGATTTCTGA AAGTAACTTT TTGACCTTCT TCTAAAGTTT 4080
 15 TGTAGCCATC GCTAGCGATA CCTGAGAAAT GTACGAATAC GTCTCCGCCA TTTTCTTGTT 4140
 CGATGAAACC AAAACCTTTT TCTGCTTTAA ACCATTTWAC TGTACCGTTA TTCATATWGA 4200
 AwACCTCCGT gTGCTTTTGC ACTTAATATT TGTAACAAAT TCATAACTAA AAAAGAGGAT 4260
 ATTCTAAACA AATACACTAC AATTTAATTC ACGAGCTTTT ATTACGTAAG ACCAACTATA 4320
 CGCTCATATT GGCATAATGT ACAGTGT TTTTGA AAAATAA ATTAAAAAAG ATTTTTAAAA 4380
 20 ACCTTAGAAA CGTTGATTTA AAGGGGTTTA TAAAAATwaw AAAATTGTAG TCTTTTATGG 4440
 TGTTTGCTAG TTTTCAAAGT GACATATCGT TTAACATGA TGATTTTATA AGCAATCCAT 4500
 AAAAAACAAG CAGCGATAAA CGCTACTTGT TGATATTAAA ATCTGACTTG AAAGGTCATA 4560
 25 GCAATGTTCT ATACCGATGG AATGTGCTTA CTTGCCTTTT TCTTCACGAC GTTTTAAATA 4620
 ATAAGAGCCA CTAATAAAC CAGCTGGAAT GCCTATCATT GGTGTTGTGA ATGAGCTTAA 4680
 TACAATAACA AGTATTGTTA AAGCAATGAC GTTATACCAA GTTACAGTCA AATTTTTCAA 4740
 30 ATCCTCATAT GATTGTTTTA CTAATTCTCT AAATTCATG ATTCAATCTC TCCTTTTTTA 4800
 TAAATCTTTA GATTGTCAAA TTAAGCTGGA CA 4832

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 190:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 5727 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 190:

45 CAAAGCTGTT CAAAAGGCTT ATAATTTAAA TTTAGATAAC ATACGTACAA TGGAACCTAA 60
 GTTGAGATAT CAAGCGATCA ATAAAGGTAA TATTAATTTA ATAGATGCAT ATTCAACTGA 120
 CGCTGAATTA AAACAATATG ATATGGTTGT GTTAAAAGAT GATAAGCACG TATTTCCACC 180
 50 ATATCAAGGA GCACCATTAT TTAAGAAAG CTTTTTAAAG AAACATCCAG AAATTAAGAA 240
 ACCGTAAAC AACTAGAAA ACAAATATC TGATGAAGAT ATGCAAATGA TGAAGTATAA 300

	GTTAATCAAA TAACGACCAA CGCCACATAA GATGCGTAAC ACCAAATTAT ATCTTATGTG	420
	GCGTTGTTAT ATTTAAATCT ATAATTATGT TCAATTTAAA CATGCAATAA TGATTAAAAA	480
5	ATATGACATG TTAAACACAA TGTAAGCTAT TATGATGTGA AAATAGTAGC ATTGCATTTT	540
	AGAAACATAG AGCGATATAA TGAATATAAG TTTTGTGAAA TTTCAGTTAA TTCTAAGGAG	600
	GTTGTTTTTA TTATGAAAGA ACAACTTAAT CAACTATCAG CATATCAGCC TGGTTTATCT	660
10	CCAAGGgCAT TGAAAGAAAA GTATGGCATT GAAGGAGATT TATATAAACT TGCATCAAAT	720
	GAAAATTTGT ATGGACCATC GCCTAAAGTT AAAGAAGCGA TATCAGCACA CTTAGATGAG	780
15	TTATATTATT ATCCTGAAAC AGGATCACCG ACATTAAAAG CGGCGATTAG TAAACATTTA	840
	AATGTAGATC AATCACGCAT TTTATTTGGT GCGGGATTAG ATGAAGTTAT ATTAATGATT	900
	TCTAGAGCTG TATTAACGCC AGGGGATACT ATTGTTACAA GTGAAGCGAC ATTCGGTCAA	960
20	TATTATCACA ATGCGATTGT TGAATCAGCT AATGTGATAC AAGTACCTTT AAAAGATGGT	1020
	GGCTTCGATT TAGAAGGTAT TTTAAAAGAA GTTAATGAAG ATACGTCATT GGTATGGTTA	1080
	TGTAATCCAA ATAATCCTAC AGGTACATAT TTTAATCATG AGAGCTTAGA TTCGTTTTTA	1140
25	TCTCAAGTAC CTCCACATGT ACCAGTAATT ATAGATGAAG CTTATTTTGA ATTTGTGACA	1200
	GCAGAGGACT ACCCGGATAC ACTTGCTTTG CAACAAAAAT ATGACAATGC TTTCTTATTA	1260
	CGTACATTTT CAAAGGCGTA TGGATTAGCG GGTTTACGTG TAGGATATGT GGTAGCAAGT	1320
30	GAACATGCGA TTGAAAAATG GAACATCATT AGACCACCAT TTAATGTGAC ACGTATATCT	1380
	GAATACGCAG CAGTTGCAGC ACTTGAAGAT CAACAATATT TAAAAGAGGT AACACATAAA	1440
35	AATAGTGTTG AACGCGAAAG ATTTTATCAA TTACCTCAA GTGAGTATTT CTTGCCAAGT	1500
	CAACGAATT TTATATTTGT AAAAACmaAG CGGGTAAATG AACTTTTATGA AGCACTTTTA	1560
	AATGTAGGGT GTATTACGCG ACCATTTCCA ACTGGTGTTA GAATTACAAT TGGTTTTAAA	1620
40	GAACAAAATG ATAAAATGTT AGAAGTTTTA TCAAACTTTA AATACGAATA GTAAGTGGGG	1680
	AGTGGGACAG AAATGATATT TTCGCAAAT TTATTTCGcC GTCCCACCCC AACTTGcATT	1740
	GTCTGTAGAA ATTGGGAATC CAATTTCTcCT TTGTTGGGGC CCCGCCGGCA AGGTTGACTA	1800
45	GAATTGAAAA AAGCTTGTTA CAAGCGCATT TTCGTTcAGT CAACTACTGC CAATATAACT	1860
	TTGTAGAGCA TTGAACATTG ATTTATGTCT CAAGCTCAAT GCAGTGTGAA TGATGAGGTG	1920
	AGAGTATTCA GTGTAAAAAG CAACAATAGA TGATATTGTT TTGTATCAAT TGCTTTTTTG	1980
50	CTATACTGAA TCAATACTGA TATTTTCAGG AGAAGATTAA AATGACCCGT AAATCAATCG	2040
	CGATTGATAT GGATGAAGTA TTGGCAGATA CATTAGGAGA AATCATTGAT GCTGTCAATT	2100
55		

	TTCTGAACA TGATGGATTA ATTACAGAAG TATTGAGAGA ACCAGGCTTC TTCAGACATC	2220
	TTAAAGTGAT GCCGTATGCA CAAGAAGTTG TGAaaaaaATT AACTGAACAT TATGATGTAT	2280
5	ATATTGCTAC AGCAGCAATG GATGTACCAA CATCATTTAG TGATAAATAT GAATGGTTAC	2340
	TAGAGTCTT TCCATTTTTA GATCCTCAGC ATTTTGTTTT TTGTGGTAGA AAAAAACATCG	2400
10	TTAAAGCTGA TTATTTAATA GATGACAATC CTAGACAGCT TGAAATTTTT ACTGGTACAC	2460
	CGATTATGTT TACAGCAGTG CATAATATTA ATGATGATCG ATTTGAACGC GTAAATAGCT	2520
	GGAAGATGT AGAACAGTAT TTTTtagata ATATTGAGAA ATAAAAATATA TCACTTGAAA	2580
15	AATTCATGT AGAAAAGATG ATGGATAGGC TATAAAGTAA TTGTGACTGA GATGAACTTT	2640
	TATGTCTTAG AACTACAAC ACTATATTGG CAGTAGTTGA CTGCGGGGCC CCAACATAGA	2700
	GAAATTGGAT TCCCAATTTT TACAGACAAT GCAAGTTGGG GTGGsCCCCA ACATAAAGAA	2760
20	ATACTTTTTT TTTAGAAATT AGTATTTCTT ATGCATGAGT GTAACTCATG CATTCATATT	2820
	TTTAAGTACA CATTAGCTGT GACTAATGAT AAAGAATCGC TACATAATCA ATCATTAGTC	2880
	GTTCTTTATC ATTTCCGTCC CGCTCTCAAT AAATGTTAGT CTATCTTATT ATTATAAATC	2940
25	GGATGAATGT GTTAATCTAT GGCAGATTAC ACGTCATCCG ATTTTTTATA GAATTTGAAA	3000
	AAGACGCATA AACCACATATG ATTTAAAATA CAACATCAAT CATTTTAGTG gCATGCGCCA	3060
	AAATTATATG TCTGTTTTTG AAACAGGGTA ATAGCTTAAA GCTAATAAAA ACGAATATAA	3120
30	GGTGCGTTGA ATCTTATGAT TACACTCCAA ACCTAATATA ATATCGGGTT AAGATCATT	3180
	CGGATGCTTA CAAATCATTG ACAGTAAGTA ACTGAATGGC ATTTGGTATA ACCTCAATAT	3240
35	CAATAGGTGT TTCTAATGAA ATTTGCCCAT CAATATCAAC TTTCATTGCT GGATCTGTTG	3300
	TAAGTGAAAT CTTTTTACCA GGTATATGCT CAATACCTTG AGTAATTTCA TTCCaATTCA	3360
	TGCTATCACG CTTTTTAAAA ATATCATTTA AAATACTGAA ACTTTGTTCA TTAAAAATGA	3420
40	AAGTGTTcAG TTCACCATCT TGAGGAGACA AATCAGTcAa TGGTATACGA CTACCACCAa	3480
	TGAATGGACC ATTTGCTGTT AGTATCATGG TCGTTTCGCC AGAATATGTC TTATCATCTA	3540
	TTGATAATTG ATAATTAAAT TGTGTTGGAT TTAGCAGTGT TTGACAGTT GATCCAATAT	3600
45	AACTCAATTT ACCAAATATA TCTTTTGAAC CATCTTGTA GTTTTcAGCG TTTTGAACAA	3660
	TGAGACCTAA GCCAACAAAG TTGAGTGCAT ATTGATTATT TATTTTAATT ACATCGTATG	3720
	TACCAACTTG TGCAGAAATC ATTTGTTTcAC TAGCTTGTtT ATGATTAGGT GCTATATTTA	3780
50	GCGTTTTTGT AAAATCATTa AAAGTACCGC CTGGTAAaAT GCCAATAGGG AGTTGAAGGT	3840
	CATGTGTCAT AACACCGTTT ATAAGTTCGT TAACCGTGCC ATCACCGCCA AGAATAAATA	3900
55		

	CACCTTCGTT TTCACTCAAT TGAATAGAAA GATGCTTACA AATTGAACTT AATGCTGTTG	4020
	TAACCTCCCC AATACCTTGA TTAATATTTT TTAATCCACT GTGTTCATGG TAAAAGAGGA	4080
5	CACCATGTGT ATATTTATTT TCCATAGTTT AGCCTACTTT CTAAAAATTG GTTCATTAAA	4140
	TATATATACC CACTTTTAAT TGTTAATACC AAAAATATGT TTTTAAATAG AGAAAATGGT	4200
	AATAAATGAA ATTGATTTCT ATAGAGTGGG ACGAGAAAAT ATAGTTATAG CTGTCTATAA	4260
10	TGAGCATATT AAGTTTTTAT TTATACTGAT ATCTTGAATT TAATTAATAG AAACCTATAA	4320
	AAAAACAGTA AGCCATTTAA ATGACTTACT GTTTTTTGAA TTAGGCCAAC AATATTAACG	4380
	TATACCTTTC ATCGCTTTGA TGATTAAAGG TGAGAATGCT AATACAATTG TTGTAACAAT	4440
15	AATTGCAACA ACACCTAGGA AAATAAGTA ATTTGTTTGA CCTAGTGGTT CTATTAACTT	4500
	AACTAAAGTA CCATTGATTG CTTGTGCAGA AGCGTTAGTT AAGTACCAA TACTCATCAT	4560
20	TTGGGCATTA AATGCTTTAG GTGCTAACTT AACAGCAGCA CTATTACCCG TTGGTGATAA	4620
	GCATAGCTCA CCGATAACAC AAATAATGTA CGATAAAATA ACCCAGTTAA CTGAAAAGTT	4680
	TGATGAACCT GATGCATAAC CTACAATACC AATTAGTATG TATGACGCAC CTGCTAAGAA	4740
25	CGTACCAATT GCAAATTTTA CTGGCAGGCT AGGTTGTTTA GTTCCAAGCT TTTGCCATAA	4800
	AAGTGAATA ATTGGAGCTA GTAATAAAAT AAATAATGGG TTAATTGATT GGAAGATCGC	4860
	TTCAACAAAG TTTGTTTCC AACCAAATAA GTTTAATTTT ATATCTGAAT GTTCAATTCC	4920
30	ATATATGTTT AATACATTAG ACCCTTGTTT TTGAATAGCC CAGAACACCA TTCCAAGAAT	4980
	AAATAATGGA ATAAATGCTT TAACACGAGA ACGTTCAGTA TCAGTGACAT CTTTACTTCT	5040
	AAATAATTAAA GTGAAGTAAA TGATGGTAA TGCAATACCT AATACTAAAA CAGTATTACT	5100
35	AACTAAGTTA AATGATAATG AGTTAGTTAA TGCACCAATA ACGATAATTA ATACAATTGC	5160
	TAAACAACA CTTCCGATAA TAAGACCATA CTTTTCTTTT TCAGCTGGTG TCAATGGGTT	5220
40	AGTÀGGTTTC ATACCAACGC TACCTAAGTT TTTGCGGTTG AAAAGTACAT ACCATACTAA	5280
	ACCTAATGCC ATACCAACTG CTGCAATCAA GAATCCGCCG TGGAAGTTTT TAACATTAAAC	5340
	AAAGTGTGTC AAAATAATAG GTGATAATAA TGCACCCATA TTAAGTACA TATAGAAAAT	5400
45	AACAAAACCT GCATCCATAC GTCTATCATT TTCAGGATAT AAACGGCCAA CGATATTTGA	5460
	AATGTTTGGC TTCATTAAAC CTGAACCAAT AATGATGAAG AACATTGATG TGAATAAGCC	5520
	GATTAATGCA AATGGTAAGC TTAAACAAAT ATGTCCGATA ATAATAAGA CTGCACCTAA	5580
50	TAAAGTAGCG CCTCTAGTGC CTGTAATTCT GTCAGCAATC CATCCGCCTG GTATTGATGT	5640
	CATATAGATT AATGAACCAT AACTGACAT AATTGACATA GCTGTTGTTT TATCAATTCC	5700

55

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 191:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 14078 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 191:

	TGGACTATTA ACGGCGaAGA AGATTTAACG AAATACTTAC AAACCAATGT TGATGGTATT	60
	ATCACAGATG ACCCAGCATT AGCTGATCAG ATTAAAGAAG AAAAGAAAGA CGAAACATAC	120
15	TTCGATCGTT CTATAAGAAT TTTGTTTGAA TAATATAAAC AAAGACCTCT AAAGTTATCA	180
	AGATGATACC TTCAGAGGTC TTTTAAATGT TGCCATCTAT GGGATAGGCA ATCGTTTCAT	240
20	TCGTTTATAT TCATATGACA AGTATTTGTA TGGCAATTTG GCGTCACAAA CACTTACATG	300
	ATTTATTGGT GAATTATTAA TTGTTTGTG AATGCAAAGG GTTAGAAATT GAATTGTAAA	360
	TACTTTCTAA TCTTTGTTTC GCTTTAGTCA TTTGATCCAA ATTTTATAGTG CGTATAGCGG	420
25	ATTTTGCAAT ATAGTGCGCA cTAAATATC GCGTTTTTGA AACGCATCTA AATTTAGGTA	480
	CGATAATTTA TTAAAGTCAG TGTTCGTAT TAATTCATGT AATTGATCTA CAAGCGCTTG	540
	ATGTTGATAC GTATGTGATG TAGTTTCAGA TTTGCTTGCT AATTTAATAC CAGTCGTATC	600
30	AAGGAGCGCC GCTTTAATAC CAGCAACTAA ATATGTTTTG ATTTTCATTT GTGTTGTCAT	660
	GCTTTGTTAC TCCTTTGATG TACATTAATC AAAAAAATTA TAACTATTG TATATTGCAA	720
	AGCTAATTAA CTATAACAAA AAGATAGTTA ATGCTTTGTT TATTCTAGTT AATATATAGT	780
35	TAATGTCTTT TAATATTTTG TTTCTTAAT GTAGATTGGG CAATTACATT TTGGAGGAAT	840
	TAAAAAATTA TGAAAAAGCA AATAATTTTCG CTAGGCGCAT TAGCAGTTGC ATCTAGCTTA	900
	TTTACATGGG ATAACAAAGC AGATGCGATA GTAACAAAGG ATTATAGTGG GAAATCACAA	960
40	GTTAATGCTG GGAGTAAAAA TGGGACATTA ATAGATAGCA GATATTTAAA TTCAGCTCTA	1020
	TATTATTTGG AAGACTATAT AATTTATGCT ATAGGATTAA CTAATAAATA TGAATATGGA	1080
45	GATAATATTT ATAAAGAAGC TAAAGATAGG TTGTTGAAA AGGTATTAAG GGAAGATCAA	1140
	TATCTTTTGG AGAGAAAGAA ATCTCAATAT GAAGATTATA AACAAATGGTA TGCAAATTAT	1200
	AAAAAAGAAA ATCCTCGTAC AGATTTAAAA ATGGCTAATT TTCATAAATA TAATTTAGAA	1260
50	GAACCTTCGA TGAAAGAATA CAATGAACTA CAGGATGCAT TAAAGAGAGC ACTGGATGAT	1320
	TTTCACAGAG AAGTTAAAGA TATTAAGGAT AAGAATTCAG ACTTGAAAAC TTTTAATGCA	1380

	GTTGTATCAT ATTATGGTGA TAAGGATTAT GGGGAGCACG CGAAAGAGTT ACGAGCAAAA	1500
	CTGGACTTAA TCCTTGGAGA TACAGACAAAT CCACATAAAA TTACAAATGA ACGTATTAAA	1560
5	AAAGAAATGA TTGATGACTT AAATTCAATT ATTGATGATT TCTTTATGGA AACTAAACAA	1620
	AATAGACCGA AATCTATAAC GAAATATAAT CCTACAACAC ATAACTATAA AACAAATAGT	1680
	GATAATAAAC CTAATTTTGA TAAATTAGTT GAAGAAACGA AAAAAGCAGT TAAAGAAGCA	1740
10	GATGATTCTT GGAAAAAGAA AACTGTCAAA AAATACGGAG AACTGAAAC AAAATCGCCA	1800
	GTAGTAAAG AAGAGAAGAA AGTTGAAGAA CCTCAAGCAC CTAAAGTTGA TAACCAACAA	1860
	GAGGTTAAAA CTACGGCTGG TAAAGCTGAA GAAACAACAC AACCAGTTGC ACAACCATTA	1920
15	GTTAAATTC CACAGGCAC AATTACAGGT GAAATTGTAA AAGGTCCGGA ATATCCAACG	1980
	ATGGAAAATA AAACGGTACA AGGTGAAATC GTTCAAGGTC CCGATTTTCT AACAATGGAA	2040
20	CAAAGCGGCC CATCATTAAG CAATAATTAT ACAAACCCAC CGTTAACGAA CCCTATTTTA	2100
	GAAGGTCTTG AAGGTAGCTC ATCTAACTT GAAATAAAC CACAAGGTAC TGAaTCAACG	2160
	TTAAAAGGTA CTCAAGGAGA ATCAAGTGAT ATTGAAGTTA AACCTCAAGC AACTGAAACA	2220
25	ACAGAAGCTT CTCAATATGG TCCGAGACCG CAATTTAACA AAACACCTAA ATATGTTAAA	2280
	TATAGAGATG CTGGTACAGG TATCCGTGAA TACAACGATG GAACATTTGG ATATGAAGCG	2340
	AGACCAAGAT TCAATAAGCC ATCAGAAACA AATGCATATA ACGTAACAAC ACATGCAAAT	2400
30	GGTCAAGTAT CATACGGAGC TCGTCCGACA TACAAGAAGC CAAGCGAAAC GAATGCATAC	2460
	AATGTAACAA CACATGCAA CGGCCAAGTA TCATACGGAG CTCGTCCGAC ACAAACAAG	2520
	CCAAGCAAAA CAAACGCATA TAACGTAACA ACACATGGAA ACGGCCAAGT ATCATATGGC	2580
35	GCTCGCCCAA CAAAAACAA GCCAAGCAA ACAAATGCAT ACAACGTAAC AACACATGCA	2640
	AACGCTCAAG TGTCATACGG AGCTCGCCCG ACATACAAGA AGCCAAGTAA AACAAATGCA	2700
40	TACAAATGTAA CAACACATGC AGATGGTACT GCGACATATG GGCCTAGAGT AACAAAATAA	2760
	GTTTGTAAC TATCCAAAG ACATACAGTC AATACAAAAC ATTACGTATC TTTACAACAG	2820
	TAATCATGCA TTCTATGATG CTTCTAACTG AATTAAAGCA TCGAACAATC GGAAGCATAT	2880
45	TTCTAAATTA TTTATTCATT ATAGTCTTAA ACATAACATG ACCTAATATA TTTACTAACCT	2940
	ATTAAAATAA ACCACGCACA TCTAAGTGAT ATACGACAAT CACAGCAATA ATAATTGCTT	3000
	TAGAAAGTCG TGCCGAAGTG GAACTTACAA GTCTAGTTCG AACACACACT GATGTGAGTG	3060
50	GTTTTCTTTA TTTTAAACAT GAACAATCAG ATAAGTTACT AGCATTAGCA AATATTATTA	3120
	AATCAAAGGG CTTCGATTCA TAAAATTTAA AACAATGATT AAAATTAGAC GTGTAAATGT	3180

55

	TATTTACAC AGCTTCATTA ATAAAACGAA ATTGCTTCAA CCCGCTTCAA CTTCAACTGG	3300
	CTTCAACTTC AGCCTACTTC ATTCAATAAC AAAACGAATC CGCTTCATCC AAAATCAACC	3360
5	ATTCTAACGC ACATATTCAA ATATAGCAGC TGCACCCATG CCGACACCAA TACACATCGT	3420
	AACCATGCCG TAACGGCTAT CGGGACGTCT ACCCATTTCA TTAAGTAAAC GCGCGGTAA	3480
	CATTGCGCCT GTAGCACCTA ATGGATGACC TAAAGCAATA GCGCCACCAT TCACATTCTG	3540
10	ACGTGATATA TCTAGACCTA CTTCTTTAAT AGATGCAATC GTTTGAGAAG CAAATGCTTC	3600
	GTTCAATTCTG ATCAAATCAA TGTCTTCAAC AGATAGATTG CTGAGTGACA ATACTTCAGG	3660
	AATCGCATAT GCAGGCCCAA TACCATAAT TTTCGGGTCA ACGCCTACTG CCTTAAACC	3720
15	AACGAATCGT GCAATAGGTG TCACGCCGAG TTCTTTCACT TTATCTCCAG ACATTAAAC	3780
	TACAAATCCT GCACCATCAG AAAGTGGGGC AGATGTTTCTT GCAGTCATAG TGCCGTCAGC	3840
20	TTTAAATACT GTACGTAATT TGGCTAATGC CTCCATCGTG GTGTCAGGGC GTATAAATTC	3900
	ATCTTGGTCA AAGATATTTG TGTGTACTTT TGGTCCTGCG TTTGTATATT CAACTGAGTT	3960
	TACTTGTATT GGAATAATTT CATCTTTGAA CCGACCATCA CGTTGTGCGT CATAGGCACG	4020
25	TTGATGACTT CTGACAGCAT AAGCATCTTG ATCTTCGCGT GATACGTCAA ATTGGGATGC	4080
	TACATTTTCA GCAGTTAAAC CCATAGGATA TGACGCACCT ATATCATCAT ATTGTAAGGT	4140
	TGGATTGTTT GTGGGCTCGT TGCCACCCAT TGGTACGGCA CTCATCAATT CAACGCCACC	4200
30	AGCTACAAGT ATATCTCCTT GACCAGCCAT AATTGATTG GCTGCAATCG CGATGGTTTG	4260
	TAATCCTGAT GAGCAGTAGC GATTCAGTGT TTGACCCGGT ACCGTGTCAG ATAATCCCGC	4320
	ACGCAATGCA ATCGTTCGTG CAATGTTTTG GCCTTGTAAT CCTTCTGGAA AAGCCGTACC	4380
35	AACAATGACA TCTTCAATCA TATTCTTATT GAATTTTCCG TCAATACGTT TCAATACGCC	4440
	TTGTAATACT TTGGCTGCGA CATCATCAGG TCTTTCGTGG AATAATGCGC CTTGCTTTGC	4500
	TTTCGCTGCG GCTGAACGCC CATAAGCTAC AATGTATGCT TCTTGCATGG TTATCATCCT	4560
40	CTCTTAATGA CTATCTTTTA ATTACGTAAT GGCTTACCAG TTTTAAACAT ATGTGCAATT	4620
	CTTTCATATG ATTTTITAGA TTTTAGTAAG TCAATAAAGC CAATTTTCTC CAACGATTGA	4680
45	ATGTAACGTT GATTGATAAA TGTATTTCTT GGTAAATCAC CACCCGCTAA AATTGTGGCG	4740
	ATATTTAAGG CAATATGATA ATCATGGTCG CTAATAAAT GACCCGCTCT TTGCGCATCT	4800
	AATTGTCCTT GGATCAATGC TTTGAAGTCT TCACCTAAAG CGATATATTG ATGTCTAGGA	4860
50	TTCGGAATAT AGTTTGTTTC TGCTTCATAT TTCGCACGTT TGAGCGCAAC TTCGACACGT	4920
	TGTGCTGTAT TGAAAATAAT CGTATCTGTA TCACGTAAAT AACCATAACG ACGTGCCTCA	4980

55

	TGTTTGTCAT CAAACTTATG CGATGTGCGT AATATGCGAT CAGCCATTTC TGCAAGGCCA	5100
	CCGCCACTCG GTAATAAGCC AACACCTGCT TCAACAAGAC CGATATATGT TTCACTTGCA	5160
5	GCGACAACAA TAGGTGAGTA AAGTACAAGC TCACAGCCAC CGCCTAAGGC ACGACCTTGA	5220
	ACAGCTGTGA CTACTGGTTT CAACTATAC TTCAAACGAT TAAAGCTATA ATGTAATTTA	5280
	TCAATTGATT GTGCAACGAC ATCATCTACA AGACCGTCTT CATGCGCCTT TTTCATTAAG	5340
10	AAAAGGTTAG CACCCACACT GAAATTGTGA CCATCTGCAT AAATAACCAT ACTTGTGTAA	5400
	TGGTCATTTT CCAGTAAATC AATCGCATCA ACTAACGCAT CGTTGAATTC ATCGGTAATG	5460
	ACATTATTTT TACTTTGTAA TTTCAGTAAC AGTTGATCAT CATGAGTTAC GGAAAGTTTG	5520
15	GCATCACCTT TATCCCAAAG TTCATCTTTT ACGAAGTGAG AAATAGGTGT TGCATATTCA	5580
	ATGGTCTCAT CTTGTTTATA AAAGCCACCA TCTAAATCAC TAATCCATTG TGGTAAGTCT	5640
	CCAAGTTCGT CTTCCATACG TGTTTTAACA CGTTCGTATC CCATTGCATC CCATAATTGG	5700
20	AATGGACCAA GTTTCAGTT GAACCCCCAG ACAAGCGCAC GGTCTATGTC TCGGAAATCA	5760
	TCGGTAGCTT TAGGTACATT GATAGCAGAG TAATAGAAAT TATTACGTAA TGTCTCCCAT	5820
	AAAAATAGTC CCGCTTCGTC TTGCGCATTG AATATGGTAT CAAGGTTATG CACTAAGTCT	5880
25	TTATTAAATT CATTTAAAAT TGGTAATTGT GGTTCGATA CAGGTACATA ATCTTGTTTT	5940
	TCAACATCGT AAACAAGTCG AGCTTTAGTT TCTTTATCCT TTTTGTAATA TCCTTGTTTC	6000
30	GTTTTACGTC CGAGTGCGCC ATTGTCAAAC AACGTATTTA CAATTTTGAC ATCATGAAAA	6060
	TAAGGTGTTT CTTCAGGTAC TTGTTGCATG CCTTTAATTA CAGACACTGC AATATCTAAA	6120
	CCGACTAGGT CAGATAGCGC ATATGTACCT GTTTTAGGAC GACCAATCGC TTGCCCAGTT	6180
35	AAAGCATCCA CATCTACAAT GCTTATCTTG TGTGCTCGG CGCGATACAT AATATCATTC	6240
	ATTGTTTGGC TGCCGACTCT ATTTGCGACA AAGCCAGGCA CATCATTGAC GACAATGACA	6300
	CCTTTACCTA ACACATTTTG CGCGAAATTT TTTACATCTA ATATAATAGA TTCCTTCGTG	6360
40	TGTGACGTAG GTATTAACTC CACTAATTTT ATAATACGTG GTGGGTAAAG GAAATGTAGA	6420
	CCAAAGAATC GTTCTTGATC CTTCTCGTTA AATGCTTGAG CAATCGCATT AATTGGAATA	6480
45	CCTGATGTAT TTGTAGCGAA TAAAGCATCT TCTTTAGCAT GTTGTAGAAC TTGTTGCCAA	6540
	ACAGCATGCT TAATTTCAAT ATCTTCTTTG ACTGCTTCGA TATATAAATC AGCATCATCA	6600
	TTTACCAAGT CATCATCAAA ATTACCATAT GTTAAATGAC TCGCTAGATT TAAGTCGAAT	6660
50	AGTAGCGGCC GTTCTTTATC TGTAATTTTA TCGTAAGATT TTTTCGCAAT GAGATTTGGA	6720
	TCGTTTTTGT CCACTACAAT ATCTAATAGT TTTACTTTAA GTCCAGCATT CACAAAAAGT	6780

55

	GTGATTCCTC CAATTTAGTT GAGGATAAGA TAACCATTAA GATAATTGGA ATAACGTTGC	6900
	TATTTTATAA AATTAATTAA GTATCTTTGA CAGTCATCTT AGCCTCTTAT TTAAGGAAAA	6960
5	AGCTTTATGC TTAATAAAG TCTTTTTTAG TGAAATTAAT GCATCTCATA TAATTATTTG	7020
	CTATTTATAC GAAAGCAGAA TCTCCAGTCA AAGCGCGTCC AATTACTAAG GCATTAATTT	7080
	CATGTGTACC TTCGTACGTG TAAATCGCTT CTGCATCAGA GAAGAAACGT GCAATATCAT	7140
10	AATCGTCAGC TAGTATGCCA TTACCACCTG TAATACCGCG GCCCATAGCT ACTGTCTCAC	7200
	GCAAACGTAA GGCATTCATC ATCTTCGCCG TTGAAGTTGC AACCTCGTCA TATTCACCAT	7260
	GTGCTTGCAT ATTAGCTAAT TGAGCACATG TTGCCATTGC TTGAGCTAAA TTACCTTGCA	7320
15	TCATTGCTAG CTTTCTTGT ATTAAGTATG ATTTACTAAT TGGTTTGCCG AATTGCTTAC	7380
	GCTCAGTGAC ATAATCTAAT GTGGCACGTA AAGCGCCAGC CATACCACCT GTAGCCATAT	7440
	AAGCAACGCC TGCTCTCGTT GAATAAAGAA TTTTGCCAAT ATCTTTAAAG CTTGTTATGT	7500
20	TTTGTAAGCG ATCCGCTTCA TCTACTTTGA CATTAGTTAA TTTAATTAGG GCGTTAGGAA	7560
	CAATGCGAAG TGCGATTTTA TTATCAATGA CTTCAATATC GACGCCATCT TGTTCTGGTC	7620
25	TGACTACAAA GCAATGGGGT TTGCCAGTTT CTTTATTTAC TGCGAATACT GGAATGACAT	7680
	CAGATACATG TGCACCACCA ATCCATTTCT TTTCACCATT GATAACCCAA GTATCGCCTT	7740
	GGCGTTCAGC GACTGTTTCA AGACCTCCCG CAACGTCCGA ACCGTGTTCT GGTTTCAGTTA	7800
30	AAGCAAAGCA TGTACGCAGT TCATGTGACT GTAATTTAGG TACATATTTT GCAATTTGTT	7860
	CTTTGCTACC TCCGAAATAG AAAGTGTTAT GCCCTAAACC TTGGTGAACA CCGAGTAGGG	7920
	TAGCTAAGGA AATATCAAAT CGCGCGAGTA GGTAAGACAT GAAAACTGA AATAGTTGAC	7980
35	TAGGCATTTT GGCGTTTGGA CGATCCTTGT AAAGTAATGG ATTGTTAAAA TAATTTAATT	8040
	CTCCAGATC TTTAAATAG TCCTCGGGTA CAGTAGCGTC TATCCAATGT TGATTAATAT	8100
	TTTCACGGTA CTTACTTTCT AGCAATGAAT CTACTTGTTG TAAAAATTCG ACTTCACCGT	8160
40	CTGTAAACC TTTAGCAATA CTAAGTACAT CTTCAGGAAA TAATGTTTTT AAGACCGTTT	8220
	CTTTTTCAAA TGTCATATAA ATTCCTCCTA AAAATAATAT GAATACTAAT GTGAAATGCA	8280
45	TTTAATTCAA AAACAACACG CTTTATTTGT AAACGCTTAC ACTAAATGTC AAAAATTTTT	8340
	ATCACCTTTA AAGTGTGTTG GAGACTTTGT CATTATCAT TGTGCAATC GCAAGTTTAT	8400
	CTGGTTTCTG CGTACTGTTT AACGGCATAT GTGTCACTGG TACATACATT CTTGGGACTT	8460
50	TATAACCTGC TAAACGACTC CGCATATGTT GATTTAAAT TTCAGCGTAA TGAGGTTTAT	8520
	CTTCGCGAAG TATAATGGCT GCAGCAATTG ATTCACCATA TTTTGATGA TCATAGCCAA	8580

55

	AGACATTTTC GCCACCAGTT ATGATTAATT CTTTTTTGCG GTCAATAATA AATATATCGC	8700
	CATCGTTGTC CATCTTCGCT AAGTCACCAG TTAATAAATA TCGACCATGA AATGCTTTGG	8760
5	CAGTCTCTGC TGGTTTATTC CAATATCCTG GCGTGACATT TTTAGCCTTA ATTGCAAGTT	8820
	CGCCAATCTC ACCAGTAGGT ACTTCCTCAC CGTTATCATC AAGGATACGT GCATCAACGA	8880
	ACATGACTGC TTTACCAATA CTCATTGGCT TACGTTTTGA ATTTCCGGT GTATTAAACAA	8940
10	GTACAAGAGG TGCTTCAGTT AAACCATAGC CGTTAATAAT GTTTATGCCA TATTGTTTAA	9000
	AAGCTGCTTG GATACTTGGT AATGGTTGTG AACCACCTTG GATGATATAA TCCATAGCTC	9060
	TAAAATTTTC AGGATTAAAA TTAGTAGCAC GTAGCGTACT ATAATACATT GTCGGAATCA	9120
15	TGATAATAAA TGTAGGGTGA TATTGTGCAA TCATGTCATT CAATTCTTCG CCGTTAAAGT	9180
	AACGTTGAAG AATAAGTGTG CCACCTGACA TTAATACTGG TAATACAGTA TCGTTAAACC	9240
	CTAAAACATG GAACATTGGT GTTGATACAA TCGTAATATA GTTTGAATTG AACTTATACG	9300
20	TCAGCTCTAA GTTTGCACCG TTATGAACAA ATGATTCATA TGAGAACATC ACACCTTTAG	9360
	GTGATCCGGT TGTACCACTT GTATAAATTA ATGCTGCAAG ATCTTGTTGGT TCAACAGGTG	9420
25	TTGCTTGAAA AGGTTGGTGA TAATCTGGAT TTACGATTTT ATCATATTGC GCCACATCAA	9480
	TATCCATATG CAATAAGTTT TGGTCAATAT CCGTGAGTGA ACTTAAATGT TTTTCAGCAT	9540
	AGAAGAGCAG TTTTAATTGT GCATCTTCCA CAATGGCTGC AATTCTTTT GGGTTAAGCC	9600
30	GCCAATTCAA TGGTAAAAA ACCGCACCTG TTTTAAACA AGCAAACAAT AAATCTAATA	9660
	TTGCAATATC ATTTGGCGCA AAAATACCGA TAACATCGCC TTTTAAACA CCTTGAGATG	9720
	TTAAATAATG TGCCATATTA TCAGCGCGTG CATTGAGTTG TTGGTATGTC CAAGATGTTT	9780
35	GTTTTGCGTG ATCAATAACG GCAGGCTTGT CATCATCGAA GTCTGAACGC GTTTTTATCC	9840
	AATGAAAATT CATTAGTATA CCCCCTTTAG CTTCACTTTC ATACTTTATG AATTGATTGT	9900
	TTAAGTTGTC CCCATTTTTC TTTGTAAATG CTGGTATCAA TTAATTTTAA ATGATCAGCA	9960
40	ATAATTGGTT TAAAAGCCAT TTGATTCAAA ATATCTTTAT GCAAATCAAG ACCTGGTGCA	10020
	ATTTCAATTA GTTTCAAGCC TTGATTGGTG AGTTCGAATA CTGCACGATC AGTAACAAAA	10080
45	TAGATTTCTT GCTCGAGTGA TTGTGAATAT TGTGCATTAA AGTCGATATG GCTCACATCT	10140
	GATACAAATT TCTGGTTTTC TCCTTCAGTT TCAATGTTTA ATCGTTGATT ATGGCATGAG	10200
	ACATGACTGC CAGCTACAAA AGTACCTGAA AAGATAATTT TATTTACAGA TTGCGTAATG	10260
50	TCTATAAAGC CACCACATCC ATTTAGTCGG TCATTGAAGT AAGACACGTT GACATTGCCG	10320
	TATTGATCAA CCTCAGCAAA GCTAAGATAG GCAACTGATA CACCATTGTT ATAAATAAAA	10380

55

	CGACTCCCAA CGAATCCACC GAAAATGCCA ACATCTAAAA TCGGTTGCAC ATCATGTTCA	10500
	ACACATTCTT CATGCAATAA ATTAGAGAGT TCATTATTGA TGCCATAACC GATGCTAATT	10560
5	GTATCGCCAT AAGTTAAAAA CTGAGCAGCA CGTCGGAGAA TCAATTTGCG ACTATTAAAA	10620
	GGTAATGCGG GTTCAGGTAT TCCATCAATT CGTTCTTCTC CAGACAAGGC TGGTAAATAA	10680
	TGACTTTGAA TTACTTGGCG GTGATTCTTT TCATCTTCTG TGACGTATAC ATAATCGACA	10740
10	AGATTTCTG GGATAACAAC TTCATTCGGT TTTAGTTGAT AGTCGTCAAC TAAAGCTTTA	10800
	ACTTGTACAA TAACTTTCCC ATGATTGGCT TTCGCGTTTA ATGCGACATG ATAACACTCG	10860
	CTCAAGTACG CTTCTTGAGT TAAATAAATG TTACCTTGTT GATCTGCGTA TGTTCTCTC	10920
15	AGTAGTGCCA CATCAACGCT AGGGAATGTG TAATGTAAGT ATGTTTCATC GTTGATGGTT	10980
	ACTAATGAAA CTAAATCATC CGTTGTTCTG GTATTTACTT TACCGCCACC GTATCTAGGA	11040
20	TCAACAGCTG TGTTTAATCC GATTTTAGTA ATAACTCCAG GTAATAATTG ATTACTCTGA	11100
	CGATAATGAG TTGCAATGAT ACCTGTGGT AAAAAATAAG CTTCAATGTC ATTATTTTTTC	11160
	ATTGcTTGTG CCGTTTTGGA AGAAGCCGTT AAAATACTCA TAATGACACG TTTAATCATG	11220
25	CGACGTTCTA TAAATCATC TAAATCCGGT GCGGCACCTA AACTATGAAT ATCATTGCT	11280
	AATATAAACG TTAAATCATT GGGCGTATGA TATGTGTCAT GTTGCCTAA CACAGCACGT	11340
	AGAACTTCGG CGGGTAAGTT GGCTACAGCT AATGCTGGTA AACCAATCAC ATCACCATCT	11400
30	TTAATGATAT GTTGTAAAGTC GTGCCATGTG ATTTGTTTCA AGCAAGTCAC CTCCATCACA	11460
	TTTGATAAAA TATAGCGTTT TTACACTTTG TGTAACCCT TaCAAGAAAT ATAACATAAC	11520
	GACGTTTAAA ATCAATTAGA AATATCTTTT TATTCTGATA ATAGACACAG TATAGACACA	11580
35	TTTTGATGGT CGATAACAAT TGTAATATCA AGGGTTTGTA ATGAATTGAA TATCATTAAT	11640
	ATACTTATAT AAAAATATTG TTCGGAATAT AAAAAGTTAA ATAGGTTTTG ATTTTTAAAT	11700
40	ATGAAATACA AAGTGCCCAA TCGAACAAAG TATTATATT AAAATATGGA AAATCCATCA	11760
	ATATTAAATT AAAATAGTTT TATTATGAAA AGTGAAAGTA GGTAAGTCTA TGGAAGGTCT	11820
	TAATCATCGA AGAAATACAG AAAAAGAAGA GACAACACAA ACGCAATCaG TTGCACCTAA	11880
45	TACAGGTGAA GAGGGGATGT CATCAGCAAG TACACAATCA ACTAAGACGT CCGACATACA	11940
	TAATGAATCT ATCGATAAAC AAATGGAAGC TAAAGCGCAT GAAACAGCGC AAAATACAGA	12000
	TTTAAAAAAC GAAGCAAGAA GTTTATTTGA TAATGCAACC AAATCAATCG GTAGACTAGC	12060
50	GGGCAATGAT GAAAGCTTAA ATCTTAATTT AAAAGATATG CTTTCTGAAG TATTTAAGCC	12120
	GCATACTAAA AACGAAGCAG ATGAAATATT TATAGCGGGT ACTGCTAAAA CTACGCCAGC	12180

55

	TTTCACAGTA ACATTTATTG GATTATGGGT CATGGCAGCA ATTTTAAATA AACTAACGC	12300
	GATTCGGGT CTCATTTTTA TAGGGGCTTT AACAGTACCA TTATCGGGTT TGTCTTCTT	12360
5	TTATGAATCA AATGCGTTA AAAATATTAG CATTTTTGAA GTTATTATCA TGTCTTTAT	12420
	TGGCGGCGTA TTTTCATTAC TAAGTACGAT GGTATTATAT AGATTGTGCG TTTTtagTGA	12480
	TCAATTGCAA AGGTTTGGTT CTTTAACATT TTTCGATGCA TTTTtagTAG GATTAGTTGA	12540
10	AGAAACTGGA AAAGCACTCA TTATTGTTTA TTTCGTCAAT AAATTGAAAA CAAATAAGAT	12600
	TTTGAATGGA TTATTAATCG GTGCTGCTAT TGGTGCAGGG TTCGCAGTTT TTGAATCAGC	12660
	AGGTTATATT TTGAATTCG CTTTAGGAGA AAATGTCCCA TTATTAGATA TTGTCTTCAC	12720
15	ACGTGCGTGG ACTGCGATTG GTGGTCATTT AGTTTGGTCA kCGATTGTTG GTGCTGCAAT	12780
	AGTTATTGCG AAAGAACAGC ATGGCTTTGA ATTCAAAGAT ATTTTGATA AACGCTTTTT	12840
	AATATTCTTT TTATCAGCCG TTGTTTACA TGGCATTGG GATACATCTT TAACTGTACT	12900
20	TGGCAGTGAT ACGTTGAAAA TATTTATTTT AATCGTTATT GTGTGGATAC TTGTATTCaT	12960
	TTTAATGGGG GCAGGTTAA AACAAAGTAA TTTACTGCAG AAAGAATTTA AAGAACAACA	13020
25	GAAAAAGTA GACGAATAAT AATTAAAGCT TATGTTGCTC ATATGTTTGT GACATAAGCT	13080
	ATTTTTATAA TTTGTCTTTA AAAGACTGGA ATAGGAATAC TTTTGGAGT TAAAAAGTG	13140
	TTtCACGTTA AACAAATAGT GACAATTAGA TTTATATAAA ATGAACATGA TTCACTGAAA	13200
30	GTATGTAATA ATCATTTTAT TGAAATTCAT CAAACAGAAA TTAATACAAT CATATAAGCA	13260
	AATTAAACCA CGCCATAATC ATATTGGATG ACTTCGGCGT GGTTTTTATA GTTGAAGCAG	13320
	GGCTGAGACA TAAATCAATG TCCCACACTC CTTATCGTT CAATCGTTGT TCGATAATCG	13380
35	ATTAAATAGA TACCTTCAGG TGTTACTTTA TAATTTTTAA CCTTAGAGTT AGCAGCGACT	13440
	ATTtGATCGT TGTAAGCAAT ATAAGTGTGTT GGTACATCTC GACTTGATAA TTTAATAATA	13500
	TCATTAGAAA TATTGTGACG TTCCTTAACA TCTACAGTAT GATTCAATTG ATTAATTAAA	13560
40	TCATCGACGT TGCTATTATT GTAGTCTCCT TTATTAATAG CACCATCTTT TTTATATGCT	13620
	TGATTAAAGA AATAACCTGT ATCTCCACGA GGAATTGTTT CGAAACTATA CATCGTTGCA	13680
45	TCCCATGCAG AACGGTCTTT TAAGTAACCT TCTATGTCAT CAACACTTTT AATGTCGATT	13740
	TCAATATTTG CTTTTTtagC ATCTGATTGT AATACTTGCG CAATTTTCGA TAGCTCTGGA	13800
	CGACCGTCAT ACGTAATTAA CTTAATTTTT AAAGGGTGTT CTTTGTATA ACCATCTTTA	13860
50	GCTAATAACA TTTTGTCTTG TTCGATATTT TGTTGGTTA ACTTAGGTTT TTTAATATAT	13920
	GGAATTTTAT CATTAAATGG ACTCGTTGCA GGTTTCGCAT AACCTTGATA AATATGATCT	13980

55

TTATTAGTAT GATTATACAT AAGTaAGAAG TTCTAAAn

14078

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 192:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 486 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 192:

TGAAAACTAA AGTGTTCCTA ATGCGTGACT AAAATTAGTA ATAATTAAGT TCTCATGATA 60
 ATAGGTATTT TTGAAAAATG GAGGAGTCTA TAAATGGGTA AAAAAATGGG TCTAGGTTTA 120
 TCTATTGCAT TGGTTGTAT TGGTATTGCC GTTGTATGTT TAATGATTTT TTCTAGTCAA 180
 AAAACGACTT ATTTTGGTTA TATGAATAGT AATACAAATG CAGAAAAAGT TGTCAGTGAA 240
 AAAGATGGAT TAGTCAAACA TAATATCAAA GTAGAACCAT CTAATGATTT CAAGCCGAAA 300
 AAAGGAGACT TTGTAAAATT AGTTTCTAAA GATGATGGGA AGACATTTTA TAAACAAGAG 360
 ATTGTTAAAC ATGATGACGT CCCACACGGT TTAATGATGA AAATTCACGA CATGCATATG 420
 AATTAATAAA AAAGCATCTA TAACGTAATT TTGAAGAAGT AGAGTTATCT TCTTATGCGT 480
 TTTAGA 486

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 193:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1626 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 193:

GAGGTCTATA TACAATTATG GTTGTTCAG TTAACGAAC TGATGGCTTT ATTACTAAGT 60
 TTAATAGATT AATTGAAAGA CGATTATTAC GTCATTTCAG TAAAAAAGGT TATATCACAT 120
 GGGAGGAAAA TTGATTGTCT GACATTTTAA AATGTATCGG TTGTGGTGCG CCACTTCAAT 180
 CTGAAGATAA AAATAAACCT GGTTTTGTAC CAGAGCATAA TATGTTTCGT GATGACGTGA 240
 TTTGCAGACG TTGTTTCCGC TTGAAAAATT ATAACGAATT CAAGATGTAG GATTAGAAAG 300
 TGAAGACTTT TTAATAATTAT TATCAGGACT TGCGGATAAA AAGGGTATTG TCGTCAATGT 360
 CGTGGATGTA TTTGACTTTG AAGGATCATT TATTAATGCA GTTAAACGTA TTGTCGGAAA 420

	TCGACTTAAA GAATGGTTAA AACGAACAGC AAGAAAATAT GGTTTGGAAG CTGACGATGT	540
	CGTATTAATT TCAGCTGAAA AAGGCTGGGG CATAGACGAC TTATTATCAT CAATTGCCGAA	600
5	TATTCGAGAA AATGAAGATG TGTATATTGT AGGGACAACG AATGTTGGGA AATCTACATT	660
	GATTAATAAAA CTGATTGAAG CTAGTGTTGG TGAAAAAGAT GTAGTAACAA CTTCAAGATT	720
	CCCTGGAACA ACTTTAGATA TGATAGATAT TCCTTTAGAT GAAACATCAT TTATGTATGA	780
10	TACACCAGGT ATTATTCAAG ATCACCAAAT GACGCATTTA GTTAGTGAAA AAGAATTGAA	840
	AATTATTATG CCTAAGAAAG AAATAAAACA ACGCGTATAT CAATTAAATG AGGCGCAGAC	900
	ATTATTCTTC GGCGGTCTAG CGCGCATAGA TTATGTATCA GGTGGTAAAC GTCCGTTAGT	960
15	TTGTTTCTTT TCTAATGACT TGAATATACA TCGTACTAAM ACGGAGAAGG CTAATGATT	1020
	ATGGCGTAAT CAACTTGGCG ATTTATTAAC GCCACCTGGA AATCCACAAA ATTTTGATCT	1080
20	TAATGAGGTA AAGGCTGTTA GACTTGAAAC AGGCAAAGAG AAACGCGATG TTATGATCTC	1140
	TGGTCTAGGC TTTATACTA TAGGACCAGG GGCTAAAGTA ATCGTTCGTG TTCCTAAAAA	1200
	TGTTGAKGTT GTATTAAGAA ATTCTATTTT ATAAGGTGaT TAAAAAATG AAATTTGcAG	1260
25	TTATAGGAAA TCCTATTTCA CATTCCTTGT CGCCCGTTAT GCATAGAGCA AATTTTAATT	1320
	CTTTAGGATT AGATGATACT TATGAAGCTT TAAATATThC CAATTGAAGA TTTTCATTTA	1380
	ATTAAAGAAA TTATTTGAA AAAAGAATTa GAAGGCTTTA ATATCACAAT TCCTCATAAA	1440
30	GAACGTATCA TACCGTATTT AGATTATGTT GATGAACAAG CGATTAATGC AGGTGCAGTT	1500
	AACACTGTTT cGATAAAAGA TGGCAAGTGG ATAGGGTATA ATACAGATGG TATTGGTTAT	1560
	GTTAAAGGAT TGCACAGCGT TTAnCCAGAT TTAGAAAATG CATACATTTT AATTTTGGGC	1620
35	GCAGGT	1626

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 194:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 635 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 194:

	AGGGTTAATT GTCGGTTTAA TTGCAATGAA TAAGTTCCAT GTATTAGCTG GCTATAGAGC	60
50	GAAATTCATC TTAATGGTGA TTTTAACTAT GATGGTCTTC GTACTTATTA ATACGTATTT	120
	ACTAAGACAG GTAAATCTA TCGGTATGTT CTTAATGATT GCTGCATTGG GTCTATACTT	180

GTCTTATATC GATAACATGT TCTTCAATTA TTAAATGCA GAGCATCCTA TAGGCTTGGT 300
 GCTAGTAATA TTAACAGTAC TTGTGATTAT TGGCTTTGTA CTGAACATGT TTATAAAACA 360
 5 CTTTAAGAAA GAGAGATTAA TCTAATGTTG ATGAATAGCG TGATTGCTTT AACCTTTTTTA 420
 ACAGCATCTA GCAATAATGG CGGACTTAAT ATTGATGTGC AACAGAAGA GGAAAAGCGA 480
 ATCAATAATG ATTTAAATCA ATATGATACA ACGCTATTTA ATAAAGACAG CAAAGCGGTT 540
 10 AATGATGCCA TTGCTAAGCA GAAAAAGAA CGACAACAAC AAATAAAAAA TGATATGTTT 600
 CAAAATCAAG CGAGTCACTC GACTCGCTTG AATGA 635

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 195:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 13715 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 195:

25 CTGAAATGGG TATTATTTGT CTTCTTCATC ATAAAGTAAT AAAGATTGTT CATCATTGCG 60
 ACGTTGCCAA TTTTCATTTG GCGATCTTGG AACGTATAAT AATTGCCTAG TAGCATACGC 120
 TTTGATTGAA ACATACAAGT CATTCTTGA ACTTGCACCT CAATTTCCAC ATTTGAATTT 180
 30 TCTTTTATAT TAATAATTTT ATCCAAATTC AGCTCACGTG CTAAGACAGC TCTTGATGCG 240
 CCTCTTTTAC CCCAGTAATT ACATTGAAAA TGATTAGTTA CTAACGTCTC TGCATTCCAA 300
 TGAAGTGGA TTGGATTTTC TTGCGCCTTC ACATACATTA CTAAGTCTG ATCCCCGAAA 360
 35 ATAATTCTGT CAACTCGTAT TTCATGTAAA AAATTAATAT AATCTTCTAC AGCATCTAAA 420
 TGATAATTAT GAAATAATCC ATTCACTGCC GCATATACTT TTTATCGTT TTTGTGAGCT 480
 AATGCGACAG CCTCTGTGAT TTGTTGTCTA TTGAATTCCC CTGGAAGTCT TAAACCAAAC 540
 40 TTTTGCTCGC CAATTACAAA AGCATCTGCA CCTAAATCAA TAAGTGTTTC CATATGGCTT 600
 AATGACTTGG GTGTGACAAG TAATTCTGTC ATAGTCATTC TCCTTTAATT GAAATCGCTA 660
 ATCCATCGTC TATATTTAAA AAATTCGTTG TATATCCTGG TTGCTTTATT AACCACTCAT 720
 45 TATAATCTTG AACCTTTTAA ACCATTTGTC TTACATTTCT CGATCTAACA ATCCCAATAT 780
 CCGATACAAA ACCGTGATAT AAAACATTAT CTGTAATTAC GAGACCTTGG TGCTTTAAAA 840
 50 GTGGTGTATA TATTTCAAAA AATTCTTTG ATTGCGCTTT TGCTGCATCA ATAAATATCA 900
 TATCATAAAC TTTGTCATTT ACATTTTCAA ATTGCTCTAA AGCATTACCT TCAATAATTC 960

	CATTACGCTC TATCGTTGTG ACATGAATGT CATCAGATAT AGAAGCGAAT TGCATAGAAC	1080
	TATAGCCGAT TGCTGTACCA ATTTCTAAAA TATTTTAAAC ATTATTCATA CGAATTAATT	1140
5	GCTTAATTAA ATCTAATGTT AAACGATCTA CAATTGGCAC TTCATTTACC TCGGCAAATT	1200
	CACGCAAAAC TTCGATTGAA CTATTTTGAT GTTGATGTAA ATCTATTAAA TATTTTAT	1260
	TTAGGTCATC CATGTTTTAA ACTTCCTTTA TGTAATAA GTCAATATGA TTATGACAAT	1320
10	AAAATAAATC AGCCTTCACA ATTGATTATA ATTTTGCCAA CCAATTAAAT GACTGATTTC	1380
	GTGTTAGACG CAAAGCTATT TTATTTATAG AAGCGAATCA TTCATATAAA ATTTAACTTT	1440
	AGATATTTTA CCATATTTTC AATAAAATTA TAAGCGTTAA TTATTTATAC ATTGCTTGAC	1500
15	TTAAAAATA CTCTTGCCCTC CCCATCTTTA AGGTTAGCAA GAGTAAATC TTTTAAATTA	1560
	TTCTTCCATT TCAGTATTTA CAACTTCTTC AATCATGTCC CATTCTTCAT CAGTTTCGAT	1620
	TGGTACTAAC TTACCACCGT CACCTGACTC ATCTGGTTCA TTGATCATTG GTACAAGCTC	1680
20	AATCATATCG TCTTCATCTG ATTGAGCACC TTCTTCAGCT AAGATAACAT ACTCTTTTTT	1740
	GAATTCAGGA TGATAAAATT CTAAACTTT TCGGTATAAA ACTTCATTTC CCTCTTCATC	1800
25	GAATAAAGTT AATAATTCCT CTTCGTTATT AATTTCTAGT TGTGAATCAT GATTATGTTT	1860
	AGTCATAGTA AAATCTCCTT TTAATGTAGT GAATCTAAAT AGCCTTGTA AATAAATACC	1920
	GCTGCCATTT TATCAATCAC TTGTTTTCTT TTTTGTCTTG AAACATCTGC TTCTAATAAT	1980
30	GATCGTTCAG CAGCCATTGT GCTTAATCTT TCATCCCACA TCACAATCTC AATAGAAGGA	2040
	TAAGCTTCTA ATAATTTTTT TTTATATGTT AACGAAGCTT CGCCTCGAAA TCCTATTGAA	2100
	TTATTCATGT TTTAGGTAG TCCTATTACG ACTGTACCCA CATTATGTTT TTTAATAATG	2160
35	TCTACTAATT GGTCAATACC TAATTCATTA TTTTCTTCAT TGATTGCGAG TGTGTCTAAT	2220
	CCTGTGCCG TCCAACCCAT TATATCACTA ATTGCAATTC CTACCGTCT ACTACCGACA	2280
	TCGAGTCTTA AAATTTTATG TTGTAACATA AATTATTTAT TTTGCTCTTT TAAATAGTAA	2340
40	GAAACAAGCT CTTCCATAAT AACATCTCTA TCAATATGAC GAATTTGATT TCTTGCTTCA	2400
	TTTTGGCGTG GAATATACGC AGGGTCACCT GATAATAAAT AACCTACAAT TTGGTTTACG	2460
45	GCATTATATC CTCGTTTCAT TAATGTTTGA TAAACATTAT TTAAACATC TCTTACATCT	2520
	TGCGTTGGAA GTTCTTCATA GTCGAATTTT ATTGTTTAT CAAAGTTTTT CATTTGCGAC	2580
	ACTCCTTTAA TTACAAATAT AACTCACTAT CATCATACAA TATTATGGCT TTAAATTATA	2640
50	GATTTTAAAT GTAATCTTTA ATAAAGCTTA ATGATTTTGA GATATTTTCA GGTTGTGTAC	2700
	CGCCACCTTG AGCCATATCT GGACGACCGC CACCTTTACC ACCAACGATT GGTGCCATTT	2760

55.

	TCGATACTTT ATCATCAACA TTACTTGCAA GAATGATAAT TGTATCTTGT AGTTTAGATT	2880
	TAAAATCGTC CATTGTCGAG CGAATTGCTT TCGCATTGG TACATCCACT TCAGTAACCA	2940
5	ATACTTTATA GCCATTGATT TCTTCAACTT GATCTTCAAT ATTACCCATT TTAAGTGATG	3000
	TGATTTCCTT GTCACGTTGC TCTAATTGTT TTAATAATGC TTTTCTTCA TCTTGTAATT	3060
	GTGTTAACTT ATCGACTACT TGATCATCAG ATTTCACTTT CAGCTGTGAT TTCATCGTAT	3120
10	TAAATTTCTC TTGAATATCT TCTAAATATA AGAAAGCTGC TTTACCTGTT AATGCTTCAA	3180
	TACGACGCAC ACCAGCTCCT GTACCTGACT CACTTACTAT TTTGAATAAG CCAATTTTCAG	3240
	AAGTATTGCG GACATGAATA CCACCACATA ATTCAATTGA AAATGGTGCC ATATTTACTA	3300
15	CACGCACAAC ATCACCATAT TTTTCACCGA ATAATGCCAT TGCGCCCAT TCTTTAGcTG	3360
	AAGCAATATC CATTTCTTGA ATGTTAACGT CAATACCTTT CCAAATTTCT TCATTTACTA	3420
	AGCGTTCAAC TTGATCAATT TCATCATTAG TCATTGGACC AAAATGAGAG AAATCAAAAC	3480
20	GTAAACGATC TGCTTCTACT AGTGAACCAG CTTGGTTAAC ATGATCACCC AGTACTGATT	3540
	TCAACGCTGC ATGTAATAAA TGTGTTGCAC TATGGTTCTT TTGAATGTCA CGTCGATCAT	3600
25	TTTGGTTTCA TFCAGCAGAC ACTGTAGCGC CAACATTTAC TTGGCCAAAT TGTACTACTC	3660
	CTTTATGCAA GTTTTGACCA TTTGGTGCTT TGGTTACTTC ACTAACAGCA ATTTCAAAAT	3720
	TGTCATTATA AACAATACCT GTATCCGCAA CTTGTCCACC ACTGATTGCA TAAAATGGTG	3780
30	TTTCCGTTAA CATGAAGTAT ACTGTTTCAC CCGCTTCAAC TTGTGAAACT TCTTCACCAT	3840
	TGTATATCAA GTGTGTTAGT GTTGTTTGAG ctGTGCGAGT ATCATAACCA ACAAAGTAC	3900
	TTGCAGATGT AATATTTTTC AATACTTCAC TTTGAACTTG CATTGATTGA GAATTTTGAC	3960
35	GTGCTTGACG TGCACGATCA CGTTGTTGTT GCATTTCTGA CTCGAATGTT GTCATATCAA	4020
	CTTTCAATCC TGCTTGCACT GCTATTTCTT CAGTTAATTC AATTGGGAAC CCATACGTAT	4080
	CATACAATTT AAATGCATCT TTCCCAATTAA TTTCAATTGT TGTCGCTTTA GCTTTTTTAA	4140
40	TTAATTCATT TAAAATCGCT AAACCATCTT CTAATGTTTC ATGGAATCGT TCTTCTTCAG	4200
	ACTTTATAAC ACGCTTAATG AAATCTGCTT TTTCTTAAC ATTTGGATAA TATGGTTCCA	4260
45	TAATGTCTGC AACAATATCA ACAAGTTTGT ACATAAATGG CTCATTGATT CCTAACGTTT	4320
	GACTAAAACG AACGGCACGA CGTAACAATC GACGTAATAC ATACCCTCTA CCTTCATTGG	4380
	CAGGTAATGC ACCATCAGAA ATTGCAAATG CAATCGTACG AATGTGGTCA GCAATTACTT	4440
50	TAAATGCCAC ATCTTGTTTCG TTGTTTACTA AATATTGTTT ACCTGATACT TTTTCGATTT	4500
	CATTCAATTAT AGGCATAAAT AAATCTGTTT CATAGTTAGT ACGTACATTT TGAGAAACTG	4560

55

	TATGATCTTT ATTATGATTG AATTCATAA ATACTAAGTT CCATACTTCA AGATAGCGTT	4680
	CATTTTCTCC ACCTGGATAC ATTTCTTCTG CCGGATCGTC TTGTCCATAT GCTTCTCCGC	4740
5	GATCATAGAA AATCTCAGTG TTCGGTCCTG AAGGCCCTTC ACCAATATCC CAGAAGTTAC	4800
	CTTCAATGCG AATAATACGA CTTTCTTCAA GCCCAATATC TTTATGCCAA ATGTTGTATG	4860
	CTTCCATATC TTCCGGATGA ATCGTAACGT ACAATTTATC TGGCTCCATA CCCATCCATT	4920
10	TATCACTCGT TAAAAATTCC CAAGCAAATT CAATCGCTTC TTGTTTAAAA TAATCACCAA	4980
	TTGAGAAGTT ACCTAACATT TCAAAGAATG TATGGTGACG CGCTGTGAAA CCAACATTTT	5040
15	CAATATCATT TGTACGAATA GCTTTTGTAG AGTTTACAAT TCTTGGCTTT TTAGGTGTTT	5100
	CACGTCCATC AAAATATTTT TTTAATGTTG CTACACCTGA ATTAATCCAT AATAATGTAT	5160
	CATCATCAAT TGGCACTAAT GGTGCAGAAG GTTCAACCAT ATGTCCTTTT TCAACAAAGA	5220
20	AATCTAGATA TTTTGTCTA ATTTCACTCG CTTTAACTT TTTCATCATT TACACATCCT	5280
	ATTTACTGTT TTTAAATTAC CATTCCATAA AAATTGATGA CACAGATAGT CGATTTGCAA	5340
	AACTAGTATA AATCAATATC ATTTTATT ATTAAAAAT AAAAAACGCC CATCCTCAAA	5400
25	AGGGACGAAC GTTATCGCGG TACCACCCTA GTTATAATG CAATTCAACA CATTTATCAC	5460
	TTTAATTCGA CTATACAGTT GTGCATAAAG TAGCGTTCAC TAATGTTTGT TGTACTTTTC	5520
	ACCAACCAGT ACATCTCTGA TAAACAAATC ATTAACACT CATCTTTATA CGAATTTAAT	5580
30	TCTATTTTAG TTACATTTAC GCTTGTGTG AACGTTCTAT AAAGTCATAC GGCGTGATTT	5640
	CTCCCATATT AATCATTGGG TCAATTTTAA ACATTGTAGC TTCCGTTAAT ACATTTGTAT	5700
	CTGTTTTTGT TGAATCAGAC ATAACCTCTT CACTATCATT CGATGACATT GGCGCTTCTA	5760
35	CTTGATCATC TATTGTCGTT TGTGAAGCTC CTGTATCATT AgTTGCTGTG TTTTCCAgCA	5820
	TTTCTTCATC TTCTGAATTA AAATAATTTT TCAACAATGT ACATAATTGT GTTAAACGCG	5880
	CTTGACCATT TGTTTCAAT CCAATATCAA ATGCTTCCGG ATCACCAGT AAAACTAAAC	5940
40	TCGTTTTCGC TCTAGTTAAA CCAGTATATA ATATCGGTCT TTGTAACATT CTAAAATACT	6000
	GTTTAACAAT AGGCATGATA ACAATAGGAA ATTCTGAACC TTGTGATTTA TGGATTGATG	6060
45	TACAATAAGC ATGTGTTAAT TCCATCATAT CTGTTTCGT AAATGTAATT TCATTACCTT	6120
	CAAAATCCAC AACAAGTACA TCTTTATTAA GGGCATTTC TTTGCCCCAA AAAATACCAA	6180
	CAATAACTCC TATGTCACCA TTGAATATGT TATCATTTGG CCTATTACA AGTTGTAATA	6240
50	CTTTGTCACC TTTTCTAAAG ACTACATCAC CAACTCAAT TTCTCGTGTG TCTTTCTTTT	6300
	TAGGGTTTAA AATATCTTGT AAAACTTGAT TTAAACGTTT AATACCGGCA TTTCTTTTAT	6360

55

	CTACCTTCTC AACAACTGTT GGTATTTGGT TTGCCTGACA GTTAATAAAA CTTCTATCAT	6480
	GAAAACGCTG TGTAATATCA ATTTTCTGAC CCAACTTCAT TCGATGTGCT AATTCTATAA	6540
5	TGCTTGAACC ATCTTGTTGA CGATATACTT CAGTCAGATT TACTCGTGGT ATAGCTTTTCG	6600
	ATTCAATTAA ATCTTTAAAT ACTTGACCAG GACCTACAGA AGGCAATTGG TCCTCATCAC	6660
	CTACAAATAT CAATTGTGCA TCTAAAGGAA CTGCACTTAA AAATTGGTGG AACAAACCAAG	6720
10	TATCTACCAT AGACATCTCA TCAATGATTA TGAGTCGTGC GTTTATTTCA TTTTCTAATA	6780
	TATCCTCTGG CTTTGTGTCT TGATTCCAAC CTATTAAACG ATGAATCGTC ATTGCTTCTA	6840
	ATCCAGTTGA CTCTTGTAAGT CTCTTAGACG CTCTTCCTGT TGGCGCTGCT AATACAACTG	6900
15	GATAATCATC ATTGACATAA TCATCATAAT CTAATGATAA GCCATGAATC TCAGCATATA	6960
	ATTCAACAAT ACCTTTAATT ACTGTCGTTT TTCCTGTTCC CGGTCCACCG GTTAATAGCA	7020
	TCACCTTAGA ATTGATAGCC GTTTGCAAAG CTTCTTTTTC TGAAGCTGCA TAGTTCACTT	7080
20	GATTGCGATC TTCTATTTCa CCAATATGCA TTTGTAAATC TGACTGTTCA ATTTCTGTAA	7140
	GTTTATTTGT ATGCGTCTTT ATTCTGAATA AGTTTTGAAC ACTTTTGATT TCaGAATAAT	7200
25	ACAAACTTGG AATTGCAACT TGTTCaTTGT CAATAATTAG TCGTTTTTCC TCATTTAAGT	7260
	ATTGCAACAT TTCGTCTAAT TTTTCAGGTT CGATGACCTC TTCATCTTGa TAATTTAATA	7320
	CATCAACCGT TAAATCTATA ACAACATTGA TAGGCAAATA TGTATGTCCC TGTTTAATAC	7380
30	ATTCTTCTTC TAACGTATAG AGCAACGCAG CTTTAAATCG TTCATTATCG TTATAAGCGA	7440
	TACCAATATT TCTAGCAAGT TGATCTGCTT TATTAAAACC AATACCTTTA ATATCATAAA	7500
	TCAATTGATA TGGATTTGCA TCTAAAATAG TCAGTGATC GCCGAGATAA AACTGATAAA	7560
35	TTGCCATTGA AAGTTTAGGA CCAAACCCTA AATCATGTAA ACGAATCATT ATTTTTTCAG	7620
	ATTCTTGATT TGCTGAAATT TGTTCTGCAA TTTGTTTCTG TTTCTTTTTC GATAATCCCG	7680
	AAACTTTTTC TAGCACTGAA TGGTCATCTA ATATATCATT TATCGCATTG TCACCTAATG	7740
40	TATTAACAAT ATTTTGAGCT GTCTTTTTC CTACACCTTT AAACAAATCA CTAGATAAAT	7800
	AACTTATAAT TGCTTCTTTC GTTTGTGGCA TTTCTTTTTC AAAAGTCTCT GCTTTTAATT	7860
45	GTTTACCATA ACGTGGATGA TCAACAACTT GCCCTTTAAA TGTGTAGACA TCGCCTTCAA	7920
	CAATATTCGG AAGAAACCCT ACAACAGTTG GCATTGTATC AAAGTCTTCA TTTGTTTCAA	7980
	TAGTATCTAC TTTAAGCACT GTATAAAAAT TATCACTGTT TTGAAACAAT ATCGCTTCAA	8040
50	CAGTACCTTT GATCATTGAA TAATCAAATA GTGTAGGGTC TGACATGTTA CTCCTCCTCT	8100
	TTCATTTTAG TGAATGTTTT CAGCGCATGC TGACTTAATA AGTGTTTAGG GTCGATAGTC	8160

55

	AAGCCCAAAT TGTATCTTGC ATCAACATGA TTTTATCAA TCGTTAATAC ATGTTTAAGT	8280
	TGAGTTATGG CTTCATTAAA CATTTCTAAT TGACATAATA CAAGACCATA TTGAAATTGA	8340
5	ACTTCTGCAT CTTTGTCTTT ATCTAGTTCC GCAGCAGTCA TTAAATACGG CAATGCCAAG	8400
	CTTAAATGAT TCTAACTGAT TAAACGCCAT ACCGATCATA TAATTACAAT CAACTTGTTT	8460
	AATCTCTGTT TGTAATGCTT GTTGATATAA TTTAATAGCT TCTTGATAAC GTTGCTGATT	8520
10	ATAATATACA TTGCTAGAT TAAAAAATAC GACGCCATTC TTCGGATCTA TTGThAAAGC	8580
	TTTTTGAAA AAACGCTCTG CCTTTyCAay CyCATTCgCA TCAGCAAGTA CGATmCCaGC	8640
	ATTAATATAA TTTTCAATAA TTGTAGGATT TTCTTCGATA TTTCCGAACA ATGCTTGTA	8700
15	CGCTTCTTCT ATTTTTCCAT TTTGTATGTA TTGATAAAATT GTTTGTTGAT CTATCATTTA	8760
	CGAACCTCAT TTCTCATCAA TTATAACATC TTGATAAAATT GTATGTCTCG AATCACTTAA	8820
20	CAACGAATAA AATATAATCT AATATCATCT TCATTTCATGA AAAAGCGGGA ATGGAATAGA	8880
	AATGCTTAAG AACCATTAAAC GGTttATTAT GTAATGGTTC TTCCACATTA GCCACCACTA	8940
	TTATGTACTT AAAAATAAGA ATACATAATT AGATTTCATGC ATAGGGAGTG GGACAGAAAT	9000
25	GATATTTTAA CAAAATTAAA TTCGTTATCC CCAACTGGCA TTGCCTGTAG AATTCTTTA	9060
	CGAAATTCTC TATGTTGTGG TCCCGCCAAT ATAACATTGT AGAGCCTAGG ACATTGTGAT	9120
	GTCCCAGACT CTATCCTCAT GAATTATTCT CATCAAAAAC TGTCTTTCGT CATTTTCAAC	9180
30	GTTGAAACTT CAAATAAGTA ATTTATTGTT GCCATTGTTT ATACAACATA ATTTAATTGA	9240
	CCTTCATTTT TGAACACATC GTCAATTGTT GCACCACCAA GACACACATC ACCTTGATAA	9300
	AAAACAACTG CTGTCCAGG TGTGATTGCT CTTACTGGCT CAGCAAAAGT AACACGTAGg	9360
35	CAtGGtCGTT TTCACGTTT ACAAAACTT TCGTATCTTT TTGGCGATAT CTAAATTTAG	9420
	CTGtAcATTc AAAACCTTGA TCTAAGTCAT TATCTTCTGG ATTTACAAAT GAATAGTCTG	9480
	AAGCAATTAA GTAATCACTG TATAATGCAT CGTGATGGAA TCCTTGTTCT ACATATAAAA	9540
40	CATTATCTTT TAGGTTTTTA CCGACAACAA ACCAAGGATC GCCATCTCCA CCTATACCTA	9600
	ATCCATGTCT TTGTCTATT GTGTAATACA TCAAACCACT ATGTTTACCC ATTTTCTTAC	9660
45	CATCAAGTGT TATCATATCA CCCGGTTGTG CAGGTAAATA TTGTGATAAA AATGTTTTAA	9720
	AGTTTTTTTC GCCGATAAAA CAAATGCCTG TAGAATCTTT TTTCTTAGCA GTAACAAGTC	9780
	CTTGTTCTTC AGCAATTCTG CGCACTTCAC TCTTTTCGAT GTCGCCAATT GGGaACATCA	9840
50	CTTTTGAAAG TTGTTGTTGA GATAATTGAT TCAAGAAGTA TGTTTGATCT TTATTATTAT	9900
	CTACACCACG TAACATTTCA ACATGACCAT CTTTCATGACG ATGTATGCGT GCGTAATGTC	9960

55

	TTTCTTTATT ACACATAACG TCTGGATTGG GAGTACGACC TTTTGTGTAT TCATCTAAGA	10080
	AATACGTAAA GACTTTATCC CAATATTCTT TTTCAAAATT AACAGCGTAA TACGGAATGC	10140
5	CAATTTGATT ACACACTTCA ATAACATCGT TGTAACTTTC AGTTGCAGTA CATACGCCAT	10200
	TTTCGTCAGT GTCATCCCAG TTTTTCATAA ATATGCCAAT GACATCATAA CCTGTGTTCTT	10260
	TTAAGACGTG GGCTGTTACA GAACTATCTA CACCGCCTGA CATACCAACG ACAACACGTA	10320
10	TATCTTTATT TGACAATTAT GACTCCTCCT TAAATTTAAA ATATATTTTA TGAATTTTCTAG	10380
	CTACAATTGC ATTAATTTCA TTTTCAGTAG TCAATTCGTT AAAACTAAAT CGAATCGAAT	10440
	GATTTGATCG CTCCTCATCT TCGAACATTG CATCTAAAAC ATGCGACGGT TGTGTAGAGC	10500
15	CTGCTGTACA TGCAGATCCA GACGACACAT AGATTTGTGC CATATCCAAC AATGTTAACA	10560
	TCGTTTCAAC TTCAACAAAC GGAAAATATA GATTTACAAT ATGGCCTGTA GCATCCGTCA	10620
	TTGAACCATT TAATTCAAAT GGAATCGCTC TTTCTGTGTA TTAACTAAA AATTGTTCTT	10680
20	TTAAATTCAT TAAATGAATA TTGTTATCGT CTCGATTCTT TTCTGCTAAT TGTAATGCTT	10740
	TAGCCATCCC AACAATTTGC GCAAGATTTT CAGTGCCTGC ACGGCGTTTC AATTCCTGTT	10800
25	CACCGCCAAG TTGAGGATAA TCTAGTGTA CATGGTCTTT AACTAGTAAT GCACCGACAC	10860
	CTTTTGGTCC GCCAACTTA TGAGCAGTAA TACTCATTGC GTCGATCTCA AATTCGTCAA	10920
	ACTTAACATC AAGATGTCCA ATTGCTTGAA CCGCATCAAC ATGGAAATAT GCATTTGTCT	10980
30	CAGCAATAAT ATCTTGAATA TCATAAATTT GTGCACTGT GCCAACTTCA TTATTTACAA	11040
	ACATraTAGa TACTAAAATC GTCTTATCTG TAATTGTTTC TTCAAGTTGA TCTAAATCAA	11100
	TAGCACCTGT ATCATCAACA TCTAGATATG TTACATCAAA ACCTTCTCGC TCTAATTGTT	11160
35	CAAAAACATG TAACACAGAA TGATGTTCAA TCTTCGATGT GATAATGTGA TTACCCAATT	11220
	GTTCAATTGC TTTTACTATG CCTTTAATTG CCGTATTATT CGATTCTGTT GCGCCACTCG	11280
	TAAATATAAT TTCATGTGTA TCTGCACCAA GTAATTGTGC AATTGACGT CTTGACTCAT	11340
40	CTAAATATTT ACGCGCATCT CTTCCCTTAG CATGTATTGA TGATGGATTA CCATAATGCG	11400
	AATTGTAAAT CGTCATCATC GCATCTACTA CTTCAGGTTT TACTGGTGTG GTCGCAGCAT	11460
45	AATCTGCATA AATTTCCATG TTTGGACACT CCTCACAATT TTATCAATGT TCCAATAATA	11520
	GCACCTTACA TACTATTTTT CTACTTTTCT GTTTAACTTT ATTTATAATG TTTTAAATTA	11580
	TATTTTACCA TTTTCTACAC ATGCTTTTCG ATAGGCTTTT TTAAGTTTAT CGCTTTATTC	11640
50	TTGTCTTTTT TATAAATTTT AGTATTTGCA GATATTTTTT TATTTGTAAA ATGTAACGTA	11700
	CTATTATTTT GGTTATGAGC AATTAAATAT TTATCTGGTT ATTCGATTGG TATACTTCTT	11760

55

EP 0 786 519 A2

	GTCCCTATTC GAGAAGGTGA AGATGAACAA ACAGCAATTA ATAATATGGT TAATCTCGCA	11880
	CAACATTTAG ACGAATTATC ATATGAAAGA TATTGGATTG CTGAACACCA TAACGCTCCC	11940
5	AACCTAGTAA GTTCAGCAAC TGCTTTATTA ATTCAACATA CGTTAGAACA TACGAAACAC	12000
	ATACGTGTAG GTTCTGGAGG CATCATGTTA CCTAATCATG CTCCATTAAT CGTTGCGGAA	12060
	CAATTTGGCA CGATGGCAAC ATTATTTCCA AATCGTGTG ATTTAGGATT AGGACGTGCA	12120
10	CCTGGAACAG ATATGATGAC CGcAAGTGCA TTAAGACGAG ATCAACATGA TGGTGTATTAT	12180
	AAATTTCCAG AAGAGGTTTC ATTATTACAA CAATATTTTCG GCCCTGCTCA CCAACAAGCA	12240
	TATGTTTCGTG CTTATCCAGC AGTAGGTAAA AATGTGCCTT TATACATTCT TGGTTCTTCA	12300
15	ACAGATTCTG CACATTTAGC TGCTCGCAAA GGGCTTCCAT ATGTGTTTCG TGGACATTTT	12360
	GCACCTCAAC AAATGAAAGA AGCTATCGAA ATTTACAAA CGTTATTTGA ACCTTCTGAT	12420
	GTATTAGACG AACCTTATGT TATTGTATGT TTAAATACAA TCGTTGCTGA AAATGATGAC	12480
20	GAAGCACAAT ATTTAGCTTC ATCTATGGCA CAAGTAATGG TTAGTATCAC TCGTGGCAGA	12540
	ATGCAGCCCG TTCAACCGCC AACACATGAA CTACAAAATA TATTAACGCC GAGAGAATAC	12600
	GCGATGGCTA TGGAAAGACA GAAAATATCA TTAATAGGTT CAGAAAATAC TGTTCACAA	12660
25	AAAATTCAAG ATTTTATGGA AACTTATGGT GAAGTCAACG AAATTATGGC AATAAGTTAT	12720
	ATTTATGATA AAGATATGCA ATTAGACTCT TATCGTCGGT TCAAGAATGT TATAAATCAG	12780
30	ATAAATGAAA AAAACACTTT ATAATGTGAT AAATAAACTA AGTGAAAGTA TGTATCCATA	12840
	ATATTAATAA AAATATACAG TAACAGCATT TTGAATGAAA GATGTCTTTA TTGTTCAATC	12900
	ATTTATTTTA GTAATGATTC AAATTCACCT AAAATyCTAA tGCAAATATG AAAGCGCCCC	12960
35	TTCAcTTTAC ACTGTGTAAG TGTTTATTTG ATGGGGCGCT TTCAAAATAT TGAAAAGCAT	13020
	ATCCcAAAATT TAAAGAAATT TATTTCTCTT TATCTTCATT TTCTTTTTTC TCTTCGTTAT	13080
	TCGATCCTGT ATATTCATTT ATCTTATCTT TTACATTTT AACTTGTTCA TTATCGCTAT	13140
40	TTTTAAATTT TTCTACGCGT CTTTAGCTTT ATCCATAAAA CTCATATTAA TCGCTCCTCT	13200
	TATATTTGAT TAGTTTAATT GAACTTATTT TTTAAGTTTA TCAATTGCAT CAGTTATTTT	13260
	GTTTTTAGCA TTTTCAACAA CTTCTTTTGC TTTaCCAGTC GCTTTATCTT GCTGACCTTC	13320
45	TTTTTCTAAT TCTTTGTTAT CAGTAACGTT ACCTACTGTT TCTTTAACAT TTCCTTTAAA	13380
	TTGATCGAAC TtACTTTTCGT CTGCCATAGT GAAACCTCCT TGGATGTATA TATTTATATA	13440
50	CCACTAAGGA GGTTGCTmm mCaymyAAT ATGAAGTTTT TATGTTATAG TATAGTATTT	13500
	ATACGATTAA ATATAAAACA TGTATCCGTC TAAATCTTCA CTTGTATCTA CATATTCGCG	13560

55

TAGTTGTTTT TCGCAGGTG GTTCTGATTC AATACTTTCA ACAAATGTAA TTGGACCTTC 13680

TAACAGTCTT ATAATATCCC CTGCTGAGAT TTCTT 13715

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 196:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 873 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 196:

AAATCCATAA	TGTCATGATA	ATCTGCATAT	GCTTCATATA	ATTCAATCAT	TGTGAATTCA	60
GGGTTATGTC	TAGTTGATAC	ACCTTCATTA	CGGAATACTC	TACCAATTTT	ATATACTTTT	120
TCAAGTCCAC	CGACAATTAm	ACGTTTTTAA	TGCAACyCAA	TAGCAATACG	CATGTATAAc	180
GTTGCATCTA	ATGCATTATG	ATGTGTTACA	AATGGTCTAG	CAGCTGCTCC	ACCAGCAATT	240
TGGTGCATCA	TAGGTGTTTC	TACTTCCAAG	AAACCTTTAT	TATTTAAATA	ATTACGCATT	300
TCTTGAATGA	TTTTACTACG	ATTAATAAAT	GTACGAGTGC	TATCTTCGTT	CGTAATTTAA	360
TCTAAATATC	TTTGACGATA	tCTCTGTTCA	ATATCCTGTA	AACCGTGGAA	TTTATCCGGT	420
AATGGTCGCA	ATGATTTAGT	TAGTAGCGTG	AATTTCTTCG	CTTTAACCGA	TAATTCGCCA	480
GTATTTGTTT	TGAACATTAC	ACCTTCAACA	CCAACGATAT	CGCCTAAATC	AGCATTTTTT	540
CATAAATCAA	ATTCGTCATC	GCCAACTTGA	TCTTTACGAA	CGTAAATTTG	AATTGTCCA	600
GCTAAGTCCT	GAACGTGTGC	AAATCCTGCT	TTACCTTTAC	CACGCTTAGT	CATTAATCGT	660
CCAGCTATAG	CGACATGACT	ATCCGCTTCT	TTTTCTACCA	ATTCTTCTTT	AGAATACTGG	720
TCCGACTCTT	CTTTCAAATC	ACTAGATAAA	CCTGAACGGT	CAAATTTAGA	ACCAAACGGG	780
TCTATACCAA	GATCATATAA	TTCTTGTAAT	TtTTGACGTC	GAACCAACAT	TTGGTCATTC	840
ATTTCTTCTG	ACATAACTtT	CTCTCCTTTA	ACT			873

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 197:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 452 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 197:

ACCATAATAT GAATGGCTTC AGGATCAAAA TAAAGACCAA CTTCACTGCC TACTTCAGCT 120
 TTTTGTAGTCG TTTGTATTAC CCATTTCATAA CCTTTATTGT CTATACAACA TATTTCATAG 180
 5 TGGACCCCTC TAAATAACAT AGAATCAACA GTTGCTTTAA ATAATCCTTC TTCAGCTTTG 240
 ATTAATGATA TATCTTCTGG TCGAATAACG ACTTCTACTT TTTTATTTTC AGGAATACCC 300
 ATATCGACAC ATTCGAAATC TTGCCCATAA ATATTACGA CATAATCTCT AACCATGCGC 360
 10 CCTTCAACAA TATTAGATTC TCCAATAAAA TCAGCTACAA ATCGATTAC TGGTTCGTCA 420
 TaTATATCTG TTGGTGTGCC AAATTGTTGA AT 452

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 198:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 2308 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 198:

25 TAGGTTGGGT TCTAACATAC GATAAAGCTC AACAAATCAA CACAGCTTTC TTTGTAAAAT 60
 TGTTTAATAC TGCATTAGCA GAACGTGATT ATTATTTTAA TATAGATGGA ACAAATGCTT 120
 TTAGATTATT TAATGCTGAA GGTGATGGTG TTGGGGGATT AACATCGAC AATTACGATG 180
 30 GTCATTTGTT GATTCAATGG TACTCAAAAG GTATTTATAA ATTTAAATAT GCCATTCTTG 240
 AAGCGGTTAG AAAAGTATTT GATTATAAAT CTATTTACGA AAAAGTAAGA TTTAAAGACA 300
 GCGAATATAG TGGTGGTTTT GTTGAAGGAG ATGCACCTGa GTTTCCAATT GTTATCGAAG 360
 35 AAAACTTCAC ATTTTATAAT GTAGACCTTG AAGATGGTTT GATGACAGGT ATCTTTTTAG 420
 ATCAAAAAGA AGTGCACAAG AaATTAAGGG ATCAATATGC CAAAGAACGC CATGTTTTAA 480
 ACTTATTAG TTATACAGGT GCTTTTTCTG CAATAGCAGC AAGTGAGGCA TCTTCAACAA 540
 40 CAAGTGTAGA TTTGGCTAAT CGTTCTCGTA GTTAACTGA AGAAAATTTT GGATTAAATG 600
 CTATTGATCC TAAATCCCAA TATATTTATG TCATGGACAC TTTTGATTTC TATAAATATG 660
 CTGCACGACA TGGACATAGT TATGACACGA TCGTGATTGA TCCACCTAGC TTTGCGCGTA 720
 45 ACAAAAAACG TACATTTTCA GTGCAAAAAG ATTATGACAA ATTAATTAAT GGCGCCTTAA 780
 ATATCTTATC ATCTGAAGGA ACATTATTGT TATGTACAAA CGCAAGTGTA TATCCATTAA 840
 50 AGCAATTTAA AAATACTATT AAAAAGACGC TTGAAGAGAG TGGCGTTGAT TATGAATTAA 900
 CTGAAGTTAT GGGATTACCA AAAGATTTTA AAACGCATCC ACATTATAAG CCATCTAAAT 960

TATTGAGAAA AAGAAGGGTG ATAATATTAT GGGATTCAAA AACAATTTAA CATCAAATTT 1080
 AACAAATAAA ATCGGTAATT CAGTCTTTAA AATAGAAAAT GTTGACGGAA AAGGTGCAAT 1140
 5 GCCAACGACG ATTCAAGAAT TGAGAGAAAG ACGACAACGT GCTGAAGCAA TTGTAAAGAG 1200
 AAAGTCTTTA ATGTCATCAA CAATGAGCGT TGTTCGAATT CCGGGTTTAG ATTTTGGTGT 1260
 TGATTTAAAA TTAATGAAAG ATATTATCGA AGATGTTAAT AAAATTTATG GTTTAGATCA 1320
 10 TAAGCAAGTT AATAGCCTTG GGGATGATGT GAAAGAAAGA ATTATGTCTG CAGCAGCAAT 1380
 TCAAGGTAGT CAATTTATTG GTAAAAGAAT TTCAAATGCA TTTTAAAAA TTGTAATTAG 1440
 AGATGTAGCT AAACGTACTG CTGCAAAACa AACAAAATGG TTTCTGTGTG TAGGACAAGC 1500
 15 TGTGTCTGCA TCTATTAGTT ACTATTTTAT GAATAAAATT GGAAAAGATC ACATTCAAAA 1560
 ATGCGAAAAT GTTATTAAAA ATGTCATGTA GGTGCTATAA TAGTTTTGCA ATTTGCAAAT 1620
 TTTACTGAAA CCGGTTTTTA ACGAATTGAA TTTAAAGcAT GGTTTTGGTA AAGTTAATGT 1680
 20 ATAAACTTAA GTTAGyATTG TAATAATATk GAAGATTCTA ACTATACGAA GGAGAAATGT 1740
 AATTATGGAA CAAAATTCAT ATGTAATCAT CGACGAGAmT GGTATTCACG CTAGACCAGC 1800
 25 AACAAATGTTA GTACAAACAG CTTCAAAATT CGATTCTGAT ATTCAATTAG AATATAACGG 1860
 TAAGAAAGTA AACTTAAAAT CAATCATGGG TGTATGAGC CTGGGTGTTG GTAAAGATGC 1920
 TGAAATTACA ATTTATGCTG ACGGTAGTGA TGAATCTGAC GCCATTCAAG CAATCAGTGA 1980
 30 CGTCTTATCA AAAGAAGGAT TGAATAAATA ATCATGTCTA AATTAATTAA AGGTATTGCC 2040
 GCATCTGATG GTGTCGCAAT TGCTAAAGCT TATTATTAG TTGAGCCAGA CTTAACATTC 2100
 GACAAAAATG AAAAAGTCAC TGATGTTGAA GGAGAAGTTG CAAAGTTCAA TAGCGCTATC 2160
 35 GAAGCTTCTA AAGTTGAGTT AACTAAAATT AGAAATAATG CAGAGGTTCA ACTAGGTGCT 2220
 GATAAAGCTG CTATCTTTGA TGCacaTTGG GGGGTGGTAG ATGACCCTGA ATTAATTCAA 2280
 CCAATCCAAG ATAAGATTAA AAATGAAA 2308

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 199:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 5559 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 199:

AAGTAATAAA TCGTCTCATT TGGCAACTGA CGCATAATTT CTTAGCTAC TGTCAAACCT 60

	TTTAATTTTT AGTTTATCAT AACTAAGCAT TGGATTTTAG TATTATGCAC TGTGTTTACC	180
	ATTTTTGTCA TTATAATATT TATTTTAAAT CAGCCCCACTA TCATATTGTC ATGTAATCTG	240
5	CTTATTAAAA AAATCCCTTC CAAGTTATTG TGTATCTCCA TTCAATTTAA TTTTGAAAGG	300
	AACATAACWT TTTAACTCAA AAGGGATTAA TTTnTAnTCT ACTTCATGGT CTGAACCAAA	360
	GAATGATTTA AACATGTGGA ATGTTGTTTC TCTGTTCATT GCTGCAATGG ATGTTGTTAA	420
10	TGGAATACCT TTAGGGCAAG CATTAAACACA GTTTTGTGAA TTACCACACT GCTGTAAGCC	480
	ACCAGTACCC ATTAATGCAT TTAAACGTTT ATCTTTAGTC ATAGATCCTG TTGGGTGCAA	540
	ATTAAACAAA CGAACTTGCG AGATTGCTTG TGCACCAACG AaTTTATTAT TTTCAGTAAC	600
15	ATTAGGACAA ACCTCTAAAC ATACACCACA TGTACATACAT TTAGATAATT CATAAGCTGT	660
	TTGACGTTTT TTCTCTGGCA TACGTGGTCC CGGACCTAAA TCATACGTTT CATCAATTGG	720
	GATCCATGCT TTCATACGTT TTAAGTTATC GAACATTCTA GAACGATCAA CTTGTAAGTC	780
20	ACGGATAACT GGGAAAGTAT TCATTGGCTC TAAACGAATA GGTTGTTCTA ATTGATCAAC	840
	AATCGCAGAA CAAGATTGTC TTGCACGACC ATTGATAACC ATAGAACATG CTCCACATAC	900
25	TTCTTCTAAG CAGTTCATAT CCCAGACAAC AGGTGTGTGT TTTTCACCTT TAATATTAAC	960
	TGGGTTACGT CTAATTTCCA TTAAACAAGC AATGACGTTT AAATTTTCAC GATATGGAAT	1020
	TTCAAAATGTT TCTTCATAAG GCTTAGAATC ACTTGTATCT TGTCGTTTAA TAATTAATTT	1080
30	TACTGTTTTT TGTTCGGTT TAGATTGTGT TTCATGTTGT GGAGTGTTTT TCACTGATTG	1140
	TTCACTCATT ATTTTTTACC CCTTTAGAC TTACTTGTGT AATCACGTTT ACGAGGTGGT	1200
	ATTAAACTCA CATCGACGTC ATCATAAGTA AACTGCGGTT TTTCAAATGC GCCTTGAAT	1260
35	GAGGCCAATTG TCGTTTTTAA CCACTCTTCA TCATTACGCT CTGGGAATTC TGGTTTATAA	1320
	TGGGCACCGC GTGATTCGTT ACGGTTATAT GCACCAATCG TAATAACACG TGCAAGTACT	1380
	AACATGTTCC ATAGTTGACG GGTAAGAAT ACCGCTTGGT TACTCCAAGT TTGAGTATCT	1440
40	TCCATATCAA TATCTTCATA ACGTTTCATC AATTCAACAA TCTTTTATC TGTTCCTAAC	1500
	AGTTTTTCAT TTTACGAAC AACAGTTACA TTTGCTGTCA TAATTTTACC AAGTTCACGG	1560
45	TGTAATTTAT ATGCATTTTC TGTACCGCGC ATAGCTAATA ATTTATCAAA ACGTTCTTGC	1620
	TCTTCAGCTT TACGCTTTTC AAAAATACTT TCGTCCATAT CAGTATATGA TCGATCAATA	1680
	TTTGAAATAT AATCAATCGC GTTTGGACCT GCTACTGTAC CACCATAAAT CGCTGATAAC	1740
50	AATGAATTGG CACCTAAGCG GTTACCACCA TGTTGAGAGA AGTCACATTC TCCAGCTGCA	1800
	AATAACCTT TAATATTTGT CATTTGATCA TAATCTACAT ATAGACCACC CATTGAATAG	1860

55

	TAAATCTCAA TGATACCACC TAGTTTTACA TCTAACTCAT GTGGATCTTT ATGTGACAAA	1980
	TCAAGATATA CCATGTTTTTC GCCATTTATA CCTAATTTTT GGTAAATACA TACATCGAAA	2040
5	ATTTACGCG TTGCGATATC ACGAGGTACT AAGTTACCAT AATCAGGATA TTTCTCTTCT	2100
	AAGAAGTACC AAGGCTTACC ATCTTTATAT GTCCAAATTC GTCCACCTTC ACCACGTGCT	2160
	GATTCACTCA TTAGTCGCAG TTTATCATCA CCAGGGATTG CAGTAGGATG AATTGAATG	2220
10	AACTCACCAT TAGCATAAAT AGCGCCTTGT TGGTAAACAA TGGGAAGCCGC TGATCCTGTA	2280
	TTAATCATTG AGTTTGTGT TTTACCGAAA ATAATACCAG GGCCACCCGT TGCCATAATA	2340
	ACTGCATCTG AACCAAATGT TTCAATCTCA GCAGTTGTCA TATTTGTGC AATCGATACCT	2400
15	CTTGCACTAT CATCGTCACC TTTAACTATG CCAAGGAATT CCCATCCTTC ATACTTCGTA	2460
	ACTAATCCAT CTACTTCATA TGCACGAACT TGTTTCATCCA ATGCATATAA TAATTGTTGT	2520
	CCAGTTGTTG CCCCTGCATA TGCTGTTCTG TGATGTAATG TACCACCGAA ACGTCTAAAA	2580
20	TCTAATAGAC CTTCAATTTGT TCTATTGAAC ATTACGCCCA TACGGTCTAA TAAATGAATA	2640
	ATTTTAGGTG CTGCCTCTGT CATCGCTTTA ACAGGTGGTT GGTTTGCAAG GAAATCGCCA	2700
25	CCATACACTG TATCATCAAA GTGAATCCAA GGAGAATCGC CTTCCCCTTT AGTATTGACC	2760
	GCACCATTAA TGCCACCTTG GGCACAAACA GAGTGCGAAC GCTTTACTGG TACAACTGAG	2820
	AACAAATCTA CATGTGCACC TTTTCTGCC GCTTTAATTG TTGACATTAA GCCCCTAGG	2880
30	CCACCTCCGA CAACAATAAG ATGTTTCTCT GCCATAAAAA TTCACTCCC CTAAATTTTC	2940
	AATCTATATT TGTAAATGC GATGTATTAC ATAAAGGCAA TAATTGCAGT AACACCAATA	3000
	TACGAAATAA CTAAAAATAC GATTAATGAA ACCCATGTAA ATACTCGTTG TGATTTTGGA	3060
35	GATTGAAGTC CACCCCAAGT AACTAAGAAT GACCATAAGC CATTGCAAA GTGGAACACA	3120
	ACAGCAATAA TACAAATAAT ATAAATATT GCCCATCCAG GATGTTGCAA TGTTCGTGC	3180
	ATTAAATCGT AATTCACCTC TTTGCCGTAA AATGCTTTTT GTAAACGTGT TTGCCATAAA	3240
40	TGGATACCAA TAAAGATAAA TGTTAAGATA CCACTCACTC TTTGGAAGAA GAACATCCAG	3300
	TTTCTAAAAA TCGAGTAATG TCCAACATTT TCTTTTGCTG TAAATGCAAT GTGTATACCA	3360
45	AACAAACCGT GATATAACAA CGGAATGTAT ATAAATAAAA ATTCTACAAT AATTAGAAAT	3420
	GGTAATGATT CCATAAAGTT AGATGCCTTA TTAAACGCTT CAGCACCTTG TGTGCTTGG	3480
	TGATTCATA ATAAATGAAC GACCAAAAAT GCACCTATTG GGATAATACC TAATAACGAG	3540
50	TGAATACGTC TTAGATAAAA TTCATTTTTT GATTGAGCCA AAAGGAGTCC CCCCTGTGAA	3600
	CGAATATTTA ATTTATTGAG CTATTTATAT TAAACGTACG CTTAACCCCC TAAAGTGATA	3660

55

	CGATCACCAA ACTGCATGTC GAACAATGTA ACATTTGGAT TCGATATTTA AAATTGCTTG	3780
	TGATGATAAA CTTTCTCATT TAGAAAACGC TTCCACGTAC ATTCAAAAAA ATAACCTTGT	3840
5	TAACCATATT GTAACATTAT TTCATATATT TTGGGGCATG AGAATGATTG TCACGCCCAG	3900
	TAATTTATTT ATGCAATTGT TCATGTAGGT TCTTTGCGAC GTTTTTCAGGA ATACCTATAT	3960
	TTTTAAAATC TTCAAGTGTA GCTTCCTTCA TTTTCTTGAT TGAACCGAAT GAACGCAATA	4020
10	ATAATGTTTT ACGTTTGTGA CCGATACCAT CTATATCATC AAGTATTGAT TTCAAGCCTG	4080
	TCTTTTGACG TGTTTGTCTA TGAAATGTGA TTGCGAATCT GTGAACCTCA TCTTGGATAC	4140
	GGTGCAACAA ATAAAATGCC TGGCTATTTT TCTTCAGTGG TACAATTTCT GCACTAGCGC	4200
15	CATATAATAA TTCAGATGTT TGGTGTTTAT CATTTTTCTG CAAACCTGCA ACAGGGATAT	4260
	CAAGACCTAA TTCGTTTTGT AGCACATCAA TAACCCCGTT CATATGTCCT TTACCACCAT	4320
	CTACTATTAT TAAATCAGGT AATGGTAATC CTTTCGTTTAA AACGCGAGAA TATCGTCGTC	4380
20	TTACTACTTC TCTCATTGAT TTGTAATCAT CTGGACCTTT AACCGTTTTG ATTTTATACT	4440
	TTCTATAATT TTTCTTATCT GGTTTACCGT CGACAAATGT AACCATTGCT GACACTGGAT	4500
25	CCACACCTTG AATATTAGAA TTATCGAATG CTTCAATTCT AATTGGTGTT TGAATTCCCA	4560
	TTTGTGTTCC AAGTTCTTCA ATAGCTTTAA TCGTTCTGGA CTCATCACGT GATATTAATT	4620
	CAAATTTATT ATTTAAGGAT ACTTTAGCGT TATGTGCAGC TAGGTCAACC ATATCTTTTT	4680
30	TGGGACCTCG CGCGGGTTGA ACGATTTTAG TGCCACAAC AGATTGAATC ATTTCTTTAT	4740
	CCAAATTACG TGGTACATGA ACTTCCTTAG GTAAAATATG TTGGTTTAAG CTATAAAATT	4800
	GTCCAATAAA TGTATAAAAT TCTTCTTCTT CTGTTTGCTG TAATGGAATC ATCGTTGTAT	4860
35	CTCGCTTTAT CATATTACCT TGTCGTATAA AGAAAAGTTG GATACACATC CATCCTTTAT	4920
	CAACACTATA ACCAAAGACA TCACGAATCG TTTTATCTGA TGACATAATT TTTTGTGTTG	4980
	TTGTGAGATT TTGAATATGT TGAATTAAAT CTCTATATTC TTTAGCCCGT TCAAAATCAA	5040
40	GTGATTCACT TGCAGTTAAC ATTCGCTCTT CTAAACTTTT TAAAATTGTT TTGTCTTCCC	5100
	CATTGAGAAA ATCAGTAATT TCCTTCGTCA TTTGTGCGTA TTTACTCAA TCAACGTCAT	5160
	ATACACATGG TCCTAAACAT TGTCCAATAT GGTAATAAAG ACATAATTTA TCTGGCATCT	5220
45	TATCACATTT GCGATATGGA TATATTCTGT CTAATAACTT TTTAGTTTCT TGAGCAGAAT	5280
	ATGCATTCCG ATACGGTCCG AAATATTTGC CAGTACCTTG TTTTACAGTT CTCGTCACTA	5340
50	GTAGTCTAGG ATATTTCTCC TTCGTAATTT TAATAAATGG ATAACTTTTA TCATCCTTTA	5400
	ATAATATATT ATATCTTGGT TGATATTGTT TAATCAGATT CAATTCCAGT AAAAGTGATT	5460

55

TTTTCAGCATC ATGAGCACCC GTAAAATATG ATCGCAATC

5559

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 200:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 4594 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 200:

15	AAATCAATCG AGTGGCATGT CAAGGTCATA TCAATATTTT AGAATCTGCG ACTATGAGAG	60
	AGGAAATAAA TGAAATTGCG CGACGTATCA TCGTTGATAT TCGTGATAAG CAATTACGAT	120
	ATCAAGATAT TGCTATTTTA TATCGTGATG AATCTTATGC TTATTTATTT GATTCCATAT	180
20	TACCGCTTTA TAATATTCCT TATAATATTG ATACAAAGCG TTCGATGACA CATCATCCGG	240
	TCATGGAAAT GATTCGTTCA TTGATTGAAG TTATTCAATC TAATTGGCAA GTGAATCCAA	300
	TGCTACGCTT ATTGAAGACT GATGTGTTAA CGGCATCATA TCTAAAAAGT GCATACTTAG	360
25	TTGATTTACT TGAAAATTTT GTACTTGAAC GTGGTATATA CGGTAAACGT TGGTTAGATG	420
	ATGAGCTATT TAATGTCGAA CATTTTAGCA AAATGGGGCG TAAAGCGCAT AACTGACCG	480
	AAGATGAACG TAACACATTT GAACAAGTCG TTAAGTTAAA GAAAGATGTC ATTGATAAAA	540
30	TTTTACATTT TGAAAAGCAA ATGTCACAAG CGGAACTGT AAAAGATTTT GCAACTGCTT	600
	TTTATGAAAG TATGGAATAT TTCGAACTGC CAAATCAATT GATGACAGAG CGACATGAAC	660
	TTGATTTAAA TGTAATCAT GAAAAGCGG AGGAAATTGA TCAAATATGG AATGGCTTAA	720
35	TTCAAATCCT TGATGACTTA GTTCTAGTAT TTGGAGATGA ACCAATGTCG ATGGAACGTT	780
	TCTTAGAAGT ATTTGATATT GGTTTAGAAC AATTAGAATT TGTTATGATT CCGCAAACAT	840
40	TGGACCAAGT AAGTATTGGT ACGATGGATT TGGCTAAAGT CGATAATAAG CAACATGTTT	900
	ACTTAGTAGG TATGAATGAT GGAACGATGC CACAACCAGT AATGCGTCAA GCTTGATTAC	960
	AGATGAAGAA AAGAAATACT TTGAACAGCA GGCTAATGTC GAGTTAAGTC CAACATCAGA	1020
45	TATTTTACAG ATGGATGAAG CATTTGTTTG TTATGTTGCT ATGACTAGAG CTAAGGGAGA	1080
	TGTTACATTT TCTTACAGTC TAATGGGATC AAGTGGTGAT GATAAGGAGA TCAGCCCAT	1140
	TTTAAATCAA ATTCAATCAT TGTTCAACCA ATTGGAAATT ACTAACATTC CTCAATACCA	1200
50	TGAAGTTAAC CCATTGTCAC TAATGCAACA TGCTAAGCAA ACCAAAATTA CATTATTTGA	1260
	AGCATTGCGT GCTTGGTTAT ATGATGAAAT TGTGGCTGAT AGTTGGTTAG ATGCTTATCA	1320

	GTTTGACAAT GAAACTGTAA AATTAGGTGA AACGTTGTCT AAAGATTTAT ATGGTAAGGA	1440
	AATCAATGCC AGTGTATCCC GTTTTGAAGG TTATCAACAA TGCCCATTTA AACACTATGC	1500
5	GTCACATGGT CTGAAACTAA ATGAGCGAAC GAAGTATGAA CTTCAAACT TTGATTAGG	1560
	TGATATTTTC CATTCTGTTT TAAAATATAT ATCTGAACGT ATTAATGGCG ATTTTAAACA	1620
	ATTAGACCTG AAAAAAATAA GACAATTAAC GAATGAAGCA TTGGAAGAAA TTTTACCTAA	1680
10	AGTTCAGTTT AATTTATTAA ATTCTTCAGC TTAATATCGT TATTTATCAA GACGCATTGG	1740
	CGCTATTGTA GAAACAACAC TAAGCGCATT AAAATATCAA GGCACGTATT CAAAGTTTAT	1800
15	GCCAAAACAT TTTGAGACAA GTTTTAGAAG GAAACCAAGA ACAAATGACG AATTAATTGC	1860
	ACAAACATTA ACGACAACCTC AAGGTATTCC AATTAATATT AGAGGGCAAA TTGACCGTAT	1920
	CGATACGTAT ACAAAGAATG ATACAAGTTT TGTTAATATC ATTGACTATA AATCCTCTGA	1980
20	AGGTAGTGCG ACACTTGATT TAACGAAAGT ATATTATGGT ATGCAAATGC AAATGATGAC	2040
	ATACATGGAT ATCGTTTTAC AAAATAAACA ACGCCTTGGA TTAACAGATA TTGTGAACCA	2100
	GGTGGaTTAT TATACTTCCA TGTACATGAA CCTAGAATTA AATTTAAATC ATGGTCTGAT	2160
25	ATTGATGAAG ATAAACTAGA ACAAGATTTA ATTA AAAAGT TTAAGTTGAG TGGTTTAGTT	2220
	AATGCAGACC AAACTGTTAT TGATGCATTG GATATTCGTT TAGAACCTAA ATTCACTTCA	2280
	GATATTGTAC CAGTTGGTTT GAATAAAGAT GGCTCTTTGA GTAAACGAGG CAGCCAAGTG	2340
30	GCAGATGAAG CAACGATTTA TAAATTCATC CAACATAACA AAGAGAATTT TATAGAAACA	2400
	GCTTCAAATA TTATGGATGG ACATACTGAA GTTGACCAT TAAAGTACAA ACAAAAATTG	2460
	CCATGTGCTT TTTGTAGTTA TCAATCGGTA TGTATGTAG ATGGCATGAT TGATAGTAAG	2520
35	CGATATCGAA CTGTAGATGA AACAATAAAT CCAATTGAAG CAATTCAAAA TATTAACATT	2580
	AATGATGAAT TTGGGGGTGA GCAATAGATG ACAATTCCAG AGAAACCACA AGGCGTGATT	2640
40	TGGACTGACG CGCAATGGCA AAGTATTTAC GCAACTGGAC AAGATGTACT TGTTGCAGCC	2700
	GCGGCAGGTT CAGGTAAAAC AGCTGTACTA GTTGAGCGTA TTATCCAAA GATTTTACGT	2760
	GATGGCATTG ATGTCGATCG ACTTTTAGTC GTAACGTTTA CAACTTAAG CGCACGTGAA	2820
45	ATGAAGCATC GTGTAGACCA ACGTATTCAA GAGGCATCGA TTGCTGATCC TGCAAATGCA	2880
	CACTTGAAAA ACCAACGCAT CAAAATTCAT CAAGCACAAA TATCTACACT CCATAGTTTT	2940
	TGCTTGAAAT TAATTCAACA GCATTATGAT GTATTAAATA TTGACCCGAA CTTTAGAACA	3000
50	AGCAGTGAAG CTGAAAATAT TTTATTATTA GAACAAACGA TAGATGAGGT CATAGAACAA	3060
	CATTACGATA TCCTTGATCC TGCTTTTATT GAATTAACAG AGCAATTGTC TTCAGATAGA	3120

55

AATCCTACAA ATTGGTTGGA TCAATTGGTG ACACCATACG AAGAAGAAGC ACAACAAGCG 3240
 CAACTTATTC AACTACTAAC AGACTTATCT AAAGTATTTA TCACAGCTGC TTATGATGCT 3300
 5 TTAATAAGG CGTATGATTT GTTTAGTATG ATGGATAGCG TCGATAAACA TTTAGCTGTT 3360
 ATAGAAGATG AACGACGTTT AATGGGGCGT GTTTTAGAAG GTGGCTTTAT TGATATACCT 3420
 TATTTAACTG GTCACGAATT TGGCGCGCGT TTGCCTAATG TAACAGCGAA AATTAAAGAA 3480
 10 GCAAATGAAA TGATGGTCGA TGCCTTAGAA GATGCTAAAC TTCAGTATAA AAAATATAAA 3540
 TCATTAATTG ATAAAGTGAA GAGTGATTAC TTTTCAAGAG AAGCTGATGA TTTGAAAGCT 3600
 GATATGCAAC AATTGGCGCC ACGAGTAAAG TACCTTGCGC GTATTGTGAA AGATGTTATG 3660
 15 TCAGAATTCA ATCGAAAAA GCGTAGCAAA AATATTTTGG ATTTTCTGA TTATGAACAT 3720
 TTTGCATTAC AAATTTTAAC TAATGAGGAT GGTTGCGCTT CAGAAATTGC CGAATCATAC 3780
 CGTCAACACT TCCAAGAAAT ATTGGTCGAT GAGTATCAAG ATACGAACCG AGTTCAAGAG 3840
 20 AAAATACTAT CTTGCATCAA AACGGGTGAT GAACATAATG GTAATTTATT TATGGTTGGA 3900
 GATGTTAAGC AATCCATTTA TAAATTTAGA CAAGCTGATC CAAGTTTATT TATTGAAAAG 3960
 25 TATCAACGCT TTAATATAGA TGGAGATGGC ACTGGACGTC GAATTGATTG GTCGCAAAAC 4020
 TTCCGTTCTC GAAAAGAAGT ACTGTCAACG ACTAACTATA TATTCAAACA TATGATGGAT 4080
 GAACAAGTCG GTGAAGTAAA ATATGATGAA GCGGCACAGT TGTATTATGG TGCACCATAT 4140
 30 GATGAATCGG ACCATCCaGT AACTTAAAA GTCCTTGTTG AAGCGGATCA AGAACATAGT 4200
 GATTTAACTG GTAGTGAACA AGAAGCGCAT TTTATAGTAG AACAAAGTTAA AGATATCTTA 4260
 GAACATCAAA AAGTTTATGA TATGAAAACA GGAAGCTATA GAAGTGCGAC ATACAAGGAT 4320
 35 ATCGTTATTC TAGAACGCAG CTTTGGACAA GCTCGCAATT TACAACAAGC CTTTAAAAAT 4380
 GAAGATATTC CATTCCATGT GAATAGTCGT GAAGGTTACT TTGAACAAAC AGAAGTCCGC 4440
 TTAGTATTAT CATTTTAAAG AGCGATAGAT AATCCATTAC AAGATATTTA TTTAGTTGGG 4500
 40 TTAATGCGCT CCGTTATATA TCAGTTCAAA GAAGACGAAT TAGCTCAAAT TAGAATATTG 4560
 AGTCCAAATG ATGACTACTT CTATCAATCG ATTG 4594

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 201:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 6313 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

	GGTTTTCTnTG GAAAGATAGT GAAAATCTCG TGTTTTTTGG TTTTgAGGTG TTGTTTGTAT	60
	TTTaTAAAT GGCTTACATA TATGAAGCGT TGATTAAGTA TGGAATTGTT AATTAATTGA	120
5	ACCTATTTAG CTtTAAGAAG GCATAACAAG ATGACCTTAT TTTATGCTAT AATATTTCTA	180
	TTATGCGAAG ATTAAGGTGA GTAGTAAATT GCATAAAAAA GTAAGTATTC AAACAAAGCA	240
	AGTGTGAAA CAGCACAAAG AAAAAGAAAA ATTTGAATTT ACTACTGAAG GAACTTGGCA	300
10	ACAAAGGCAA TCTAACTTTA TTCGGTATGT AGAACAAATT GAGGATGCAA CAGTTAATGT	360
	TACAATAAAA GTGGATGATG ATAGCGTTAA GTTGATTCGT AAAGGCGACA TTAATATGAA	420
	TTTGCATTTT GTTGAAGGAC AAACGACAAC AACTTTTTTAC GATATATCGG CTGGACGAAT	480
15	TCCACTAGAA GTTAAACAT TACGCATTTT ACATTTTCGT AGTGGAGACG GTGGCAAGCT	540
	AAAGATTCAT TATGAATTAT ATCAAGATAA TGAAAAAATG GGTTCTTATC AATATGAAAT	600
20	TAACTATAAG GAGATAGGCG AATGAATATT ATTGATCAAG TGAAACAAAC ATTAGTAGAA	660
	GAAATTGCAG CAAGTATTAA CAAAGCAGGA TTAGCAGATG AGATTCCTGA TATTAAAAAT	720
	GAAGTTCCTA AAGATACAAA AAATGGAGAT TATGCTACTA ATATTGCGAT GGTACTGACT	780
25	AAGATTGCAA AGCGTAATCC TCGTGAAATT GCTCAAGCGA TTGTTGATAA CTTAGATACT	840
	GAAAAAGCAC ATGTAAAACA AATTGACATT GCTGGTCCAG GATTCATTAA TTTTTACTTA	900
	GATAATCAGT ATTAAACAGC AATTATTCTT GAAGCAATTG AAAAAGGTGA TCAATTTGGA	960
30	CATGTAAATG AATCAAAAGG TCAAAATGTA TTGCTTGAGT ATGTTTCAGC TAACCCTACA	1020
	GGAGATTTAC ATATTGGTCA TGCTAGAAAT GCAGCAGTTG GTGATGCTTT AgcTAAtATT	1080
	TTAACTGCAG CTGGCTATAA TGTAACACGT GAATATTATA TTAATGATGC TGGTAATCAA	1140
35	ATTACTAACT TAGCGCGTTC GATTGAAACA CGTTTCTTTG AAGCTTTAGG TGACAATAGT	1200
	TATfCAATGC CAGAAGATGG CTATAATGGA AAAGATATTA TTGAAATAGG TAAAGATTTA	1260
	GCAGAGAAAC ACCCTGAAAT TAAAGATTAT TCTGAAGAAG CACGTTTGAA AGAATTTAGA	1320
40	AAATTAGGCG TAGAATACGA AATGGCTAAA TTGAAAAATG ATTTAGCAGA GTTCAATACG	1380
	CATTTTGATA ATTGGTTTAG TGAAaCATCT TTATATGAAA AAGGAGAAAT TCTTGAAGTT	1440
45	TTAGCAAAAA TGAAAGAATT AGGTTATACG TATGAAGCTG ATGGCGCTAC ATGGTTACGT	1500
	ACAACTGATT TTAAAGACGA CAAAGACAGA GTATTAATTA AAAATGACGG TACATATACG	1560
	TATTTCTTAC CAGATATTGC GTACCACTTC GATAAAGTAA AACGTGGTAA TGACATTTTA	1620
50	ATCGATTTAT TTGGTGCTGA TCATCATGGT TATATTAATC GTTTGAAAGC ATCTCTTGAA	1680
	ACGTTTGGTG TAGATAGTAA TCGTTTAGAA ATTCAAATCA TGCAAATGGT TCGTTTAATG	1740

55

	ATTATGGACG AaGTTGGCGT TGACGCTGCA CGTTATTTCT TAACTATGCG TagTCCTGAT	1860
	AGTCACTTTG ATTTTGATAT GGAATTAGCG AAAGAGCAAT CTCAAGACAA TCCAGTTTAC	1920
5	TATGCTCAAT ATGCACATGC GCGTATTTGT TCAATTTTAA AACAAGCGAA AGAGCAAGGT	1980
	ATTGAAGTGA CTGCTGCGAA TGATTTTACA ACGATTACTA ATGAAAAAGC GATTGAATTG	2040
	TTGAAAAAG TAGCTGATTT CGAACCTACA ATTGAAAGTG CTGCTGAGCA TAGATCGGCA	2100
10	CATAGAATTA CTAATTATAT TCAAGATTTA GCTTCTCATT TCCATAAATT CTATAATGCT	2160
	GAAAAAGTGT TAACAGATGA TATTGAAAAA ACAAAGCAC ATGTTGCTAT GATTGAAGCG	2220
	GTCAGAATTA CATTGAAAAA TGCATTGGCA ATGGTCGGTG TAAGCGCACC TGAATCAATG	2280
15	TAAGAACATT TATATACACT CCAACGTAGA GTTTCTCGAA AGATACTTTG TGTGGAGTG	2340
	TTTTTTTTAG GTATGTGACA TATTGGGGAA TGCTTAGTAT GTGAATAAGG TTAAGAGGAA	2400
	CACAGTTGGA TGCTCTGCAC AACTGCATAA GAGAGCCTGA GACATAAATC AATGTTCTAT	2460
20	GCTCTACAAA GTTATAATGG CAGTAGTTGA CTGAACGAAA ATTCGCTTGT AACAAGCTTT	2520
	TTTCAATTCT AGTCAACCTT GCCGGCGGGG CCCCAACAAA GAGAAATTGG ATTCCCAATT	2580
25	TCTACAGACA ATGCAAGTTG GGGTGGGACG ACGAAATAAA TTTTACGATA ATATCATTTT	2640
	TGTCCCACTC CCTCTAAAAT GGAGGGTGTA AATGTTAGGA ACTGATGAAT TATATAAAGT	2700
	TTTATATGAA CATCTCGGAC CACAATTTTG GTGGCCTGCT GATAATGACA TTGAAATGAT	2760
30	GTTAGGTGCA ATTTTAGTTT AAAATACTAG ATGGCGAAAT GCAGAAATTG CATTGAATCA	2820
	GATTAAAGAA CATACGCATT TTAATCCAAA TCATATATTA GAACTACCTA TTGAAACGTT	2880
	ACAATCATTTG ATACATTCAA GTGGCTTTTA TAAAGTAAA TCACTGACGA TTAACATT	2940
35	ATTAACATGG TTAGCACGAC ATCATTTCAA TTATCAAGAG ATTAATGAGC GATATAAAGG	3000
	TGGATTAAAG AAAGAATTAT TATCTTTGAA AGGTATTGGA AGTGAAACAG CAGATGTCTT	3060
	ACTTGTATAT ATATTCGGAC GTATTGAATT TATTCCAGAT AGCTATACAA GAAAAATATA	3120
40	TGATAAATTA GGATATGAAA AACTAAAAA TTATGATCAA TTAAAAAAG TAGTCaCATT	3180
	ACCAAATCAT TTTACAAATC AAGATGCTAA TGAATTTTAT GCTCTGTTAG ATGTATTTGG	3240
45	TAAACATTAC TTTAGAGACA AAGATATAAA GAATTATGAT TTTTGAAGC CTTACTTTAA	3300
	AAAGTAAACG CTGTGAAGTT AGATAGATGA GTTTATATGA AATATAAAAA ATAATTACT	3360
	ATTTTCTTTT AGTATGTGGA CTTATATAAT AAATAGAAGC ATATAAGAA AAAACAGTT	3420
50	GTTTGTGTGT GCAGCAACTG CATAAGAGCC CCTAATCGCT AAAGCTCAAG GGGAGTAAAG	3480
	GAATACAGTT GTTTGTGCAG CAACTGCATA AAAGCCTCTA ATCACTAAAG GTGAAGAGGA	3540

55

	AACGCAGTTG	GATgCTACCG	CACAACTGCA	TAAATCCCTC	TaATCgcTAA	AGCGAAAAGT	3660
	GGGATTAAAA	AGGAGATGTG	ATAGTGTGAA	GAAATCGTTA	ATTGCTTTTA	TTTGTATTTT	3720
5	TATGCTTGTC	CTGAGTGGCT	GTGGTATGAA	AGATAATGAT	AAACAAGGTA	GCAATGATAA	3780
	TGGCTCGTCT	AAATCGCCGT	ACCATAGAAT	TGTTTCGTTA	ATGCCTAGTA	ATACTGAAAT	3840
	TTTATATGAA	TTAGGATTAG	GTAAATACAT	AGTTGGTGTT	TCAACGGTTG	ATGATTATCC	3900
10	AAAAGATGTG	AAAAAGGGTA	AGAAACAATT	TGATGCTTTG	AATCTAAATA	AAGAGGAACT	3960
	TTTAAAGGCA	AAGCCAGATC	TAATCTTGTC	GCATGAGTCG	CAAAAGGCAA	CTGCTAATAA	4020
	AGTATTGTCA	TCATTAGAGA	AACAAGGCAT	CAAAGTAGTG	TATGTTAAAG	ATGCACAATC	4080
15	AATTGATGAA	ACTTACAACA	CATTTAAGCA	AATTGGGAAA	TTAACGCATC	ATGATAAGCA	4140
	GGCTGAACAA	CTTGTGAGG	AACTAAAGA	TAATATCGAT	AAAGTCATAG	ATTCAATTCC	4200
	TGCTCATCAT	AAAAAATCAA	AAGTATTTAT	TGAGGTTTCA	TCAAAGCCTG	AAATATATAC	4260
20	AGCAGGGAAG	CATACATTTT	TTAATGATAT	GTTAGAAAAA	TTAGAAGCCC	AAAATGTGTA	4320
	TAGTGACATT	AATGGTTGGA	ACCCTGTAAC	GAAGGAAAGT	ATTATTAAAA	AGAACCCAGA	4380
25	TATATTAATT	TCGACCGAAG	CTAAGACAAG	ATCAGATTAT	ATGGATATCA	TCAAAAAAAG	4440
	AGGTGGATTC	AATAAAATTA	ATGCTGTCAA	GAATACACGT	ATTGAAGTTG	TAAATGGTGA	4500
	TGAAGTATCA	AGACCAGGTC	CACGTATTGA	TGAAGGATTA	AAAGAATTAA	GAGATGCAAT	4560
30	TTATAGAAAA	TAAACCATTG	TAATTATGCC	CCTTATTGCT	ACATGTAAAA	AATACATGTT	4620
	TGAGATAAGG	GGTTTTTaAA	ATATATTTAG	TGAATGATAG	CAACGCGAGT	ATGTGATTGC	4680
	TATAATGAAT	GTAATTATCG	ATGAacaaAA	GAGAATGCTA	TGACATTTAA	TAAAGTATTA	4740
35	TTGAGCTGga	TAGTCmTATT	GATTATAACA	ACTAGCATAT	ATCTATTTTG	GCAGTTGGGC	4800
	GATATCAATG	ATGTATTTAA	CCAGTCTATT	TTAATCAATG	TTAGATTACC	GAGATTATTA	4860
	GAAGCATTGT	TGACAGGTAT	GATATTAAC	GTTGCAGGCC	TTATATTTCA	AACAGTTTTA	4920
40	AATAATGCAT	TGGCAGATAG	CTTTACATTA	GGATTGGCAA	GCGGCGCTAC	ATTGTTTCA	4980
	GGATTAGCAT	TATTTTtagG	TTTAACAACG	TTATGGATTG	CTGTATTTTC	AATAACATTT	5040
45	AGTTTGATAA	CATTAAATAAC	TGTATTAGTC	ATTACGTCGG	TATTGAGCCA	AGGCTATCCA	5100
	GTTAGAATCT	TAATATTAAG	TGGTTTAATG	ATTGGTGCGT	TATTCAATTC	ACTTCTATAT	5160
	TTTTTGATTT	TATTAAAACC	TCGCAAATTA	AATACAATTG	CCAATTATCT	GTTTGGTGGT	5220
50	TTTGGTGATG	CAGAATACTC	AAATGTATCT	ATAATAGCAA	TCACATTTAT	CATTGCATTG	5280
	TTTGGTATAT	TTATCATTCT	TAATCAACTA	AAGTTATTGC	AATTAGGAGA	ACTAAAAAGT	5340
55							

5 ATAACGGCGA TAAATGTCGC ATATGTTGGC ATCATTGGAT TCATTGGTAT GGTGATACCG 5460
 CAACTCATT A GAAAATGGCA GTGGAAACAA TCATTAGGAA GACAATTGGC TTAAATATT 5520
 5 GTAAGTGGAG GACAAATAAT GGTTATGGCA GATTTTATTG GTAGCCATAT ATTGTCACCA 5580
 GTACAAATAC CGGCAAGTAT TATCATTGCA TTAATTGGTA TACCAGTGTT AtTTTACaTG 5640
 CkAAwAtCtC aGTCgAAAcG GTTACaTAG CACACGACaT TTGCTAAAAT AAAAATAACT 5700
 10 ATAAACATAA AGAGGGCATA AGCGATGGAT TTGAATCAAA TTAAAGCAGT TGTATTTGAT 5760
 TTAGAAGGTA CGTTGTTGGA CAGAGTTAAA TCTCGAGAGA AATTTATCGA AGAGCAATAT 5820
 GAACGATTTC ATGACTACTT AATTCATGTT CAACTGGCAG ATTTTAAAAA AgCATTATT 5880
 15 GAGCTAGATG ACGATGAAGA TAATGATAAA CCTGATTTAT ATAAAGAAAT CATTAAACGT 5940
 TTCCATGTAG ATAGGTTAAC TTGGAAAGAC TTATTTAATG ATTTTGAAAT GCATTTTAT 6000
 CGTTATGTAT TTCCTTATTA CGATACTTTG TATACACTAG AAAAgCTATC GCAAAAAGGC 6060
 20 TTTCAAATTG GTGTTATCGC AAATGGTAAA TCTAAGATTA AACAATTTG ATTACATTCA 6120
 CTTGGTTTGA TGCATGTTAT TAATTATTTA TCAACATCAG AAACAGTTGG TTTTCGTAAA 6180
 25 CCACATCCTA AAATTTTGA AGATATGATT GATCAACTAG GGGTATTACC TGAGCAAATT 6240
 ATGTATGTTG GCGATGATGC GTTAAATGAT GTAGCTCCAG CACGAGCTAT GGGCATGGTT 6300
 AGTGTATGGT ATA 6313

30 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 202:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2174 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 35 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 202:

40 CCGTAAACAC ATCAACAAAA GAAGGCTATA TTACAAAAGA AGACTTGGAC TTATGCTGCA 60
 CGTCGCTCTA ATTCAGCTGG AATGCAAGTC ACCGGACGAC TGGCTTACAT TGAACCTTAT 120
 45 GGGGCAACAA GTCGCACAAA ATAAACGCGC GAGAAGCaAG AATAGGAAGT GATATCTATG 180
 AAATGGTTAT CACGAATATT AACAGTAATA GTGACCATGT CtATGGcGTG TGGTGCATTG 240
 ATATTTAATC GTAGACATCA GCTAAAGGCG AAAACGCTGA ACTTCAATCA TAAAGCATT A 300
 50 ACAATTATTA TTCCGGCTAG AAACGAAGAA AAAAGAATAG GTCATTTACT ACATTCGATA 360
 ATACAACAGC AAGTTCAGT AGATGTCATT GTTATGAATG ACGGATCGAC AGATGAAACA 420

55

	AAATGGTATG GGAAATCACA TGCTTGTTAT CAAGGTGTGA CGCATGCATG TACGAATCGC	540
	ATTGCCTTTG TAGATGCTGA TGTAACCTTC TTAAGGAAAG ATGCTGTTGA AACGTTGATT	600
5	AATCAGTATC AATTACAAGG TGAAAAAGGA TTGTTAAGCG TACAGCCTTA TCATATAACA	660
	AAGCGTTTCT ACGAAGGGTT TTCAGCGATA TTTAATTTAA TGACAGTCGT TGGTATGAAT	720
	GTATTTTCTA CCTTAGACGA CGGTCGGACT AACCAGCATG CATTTGGACC GGTGACATTA	780
10	ACAAATAAAG AAGATTATTA TGCAACTGGA GGTCAATAAA GTGCAAACCG TCATATTATT	840
	GAAGGATTG CTTTAGGAAG TGCATATACT TCACAATCAT TGCCCGTAAC AGTTTATGAA	900
15	GGGTTTCCAT TTGTTGCATT TCGCATGTAT CAAGAAGGAT TTCAGTCATT ACAAGAAGGA	960
	TGGACAAAGC ATTTGTCAAC TGGGGCAGGT GGCACAAAGC CTAAGATCAT GACAGCAATT	1020
	GTGTTGTGGT TGTGTTGGTC TATAGCGAGT ATTTTAGGGC TATGTCCTAG TTTAAATAT	1080
20	CGCCAAATGT CTGTAAGAAA AATGGTAGCA CTTTACTTGA GCTATACTAC ACAATTTATT	1140
	TATCTGCATC GAAGGGTCGG CCAATTTTCT AATTTATTAA TGGTATGTCA TCCATTGTTA	1200
	TTTATGTTTT TTAATAAAT TTTATCCAA TCTTGGAAC AAACGCATCG TTATGGTGTA	1260
25	GTTGAATGGA AAGGTCGTCA ATATTCTATA TCTAAAGAAC AATAAATCAA GGTAATGGCA	1320
	TTTCAATATA GGAGGACTAG TATGACAATG ATGGATATGA ATTTTAAATA TTGTCATAAA	1380
	ATCATGAAGA AACATTCAA AAGCTTTTCT TACGCTTTTG ACTTGTTACC AGAAGATCAA	1440
30	AGAAAAGCGG TTTGGGCAAT TTATGCTGTG TGTCGTAAAA TTGATGACAG TATAGATGTT	1500
	TATGGCGATA TTCAATTTTT AAATCAAATA AAAGAAGATA TACAATCTAT TGAAAAATAC	1560
	CCATATGAAC ATCATCACTT TCAAAGTGAT CGTAGAATCA TGATGGCGCT TCAGCATGTT	1620
35	GCACAACATA AAAATATCGC CTTTCAATCT TTTTATAATC TCATTGATAC TGTATATAAA	1680
	GATCAACATT TTACAATGTT TGAAACGGAC GCTGAATTAT TCGGATATTG TTATGGTGTT	1740
	GCTGGTACAG TAGGTGAAGT ATTGACGCCG ATTTTAAGTG ATCATGAAAC ACATCAGACA	1800
40	TACGATGTCG CAAGAAGACT TGGTGAATCG TTGCAATTGA TTAATATATT AAGAGATGTC	1860
	GGTGAAGATT TTGACAATGA ACGGATATAT TTTAGTAAGC AACGATTAAA GCAATATGAA	1920
45	GTTGATATTG CTGAAGTGTA CCAAATGGT GTTAATAATC ATTATATTGA CTTATGGGAA	1980
	TATTATGCAG CTATCGCAGA AAAAGATTTT CAAGATGTTA TGGATCAAAT CAAAGTATTT	2040
	AGTATTGAAG CACAACCAAT CATAGAATTA GCAGCACGTA TATATATTGA AATACTGGAC	2100
50	GAaGTGAGaC AGGCTAACTA TACATTACAT GAACGTGTTT TTGTGGaTAA GAGGAAAAAG	2160
	GCAAAGTTGT TTCA	2174

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 4715 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 203:

10	GAAnCAGnTA GACAAATTAT GGaAAmCGGT GTGAATCaAG GATTCTTTGG TGTAGCTGGT	60
	TTTGACCTAC TCGTCGATGA GGATGATAAC GTTTATGCCA TTGATTAAAA CTTTAGACAA	120
	AATGGTTCaA CGAGCATGTT ATTACTTGCT AACGAGTTGA ATTCAGGATA TCAAAAGTTT	180
15	TATAGTTATC ATTCAAAAGG TGATAACACA CATTCTCTCA ATACGATTTT GAAATATGTC	240
	AAAGAAGGTA GTTTATACCC GTTATCTTAT TATGATGGTG ATTGGTACGG TGAAGATAAA	300
	GTAAATCAa GGTTCGGCTG TATTTGGCAT GGTGATTCAA AAGAAACAGT ACTGGAGAAT	360
20	GAACGCGCAT TTTTAGCTGA ACTTGAACAC TATTAGAGTT CGGAACATAA GGCGCTACAA	420
	TGTTGTGTTG CCAGTAGTTG ACTGAATATG CGTTTGTAAc AAGCTTTTTT CGATTCTAGT	480
	CAACAGTAAT TAAATTTATG ATATGGCAAT ACTTTGTAAT ACTAATATTA AATGGCGACT	540
25	TTTATTTCAc TAIGTTATAA GAGTTGCCAT TTTGTTGATA AAGGTATACT AAAGGTTATC	600
	GTTCGAAAT TTTTAGTAAC TAGATATGTT TCGTGTTATA GACCGAATTT GTGTATACGT	660
	AAAATTTAAT GCTATTGAAT TTTTAAAATG AAAACATGA CATTAAATTG AATTCATAAT	720
	ATGTCTAATT GACTAACTTG TTGGAGTCAT TTACTATTTT ATGTATGACA TATTTTAAAA	780
	AGTGAGGGTC AAGCATGTCT TATAAAGCAT ATCCATTCTT TAGAGATATA TTAATAAATG	840
35	AATGTATTTA TTTCGCCTCT AAAAATAAAA AACTAGTACG CCTAAATTAT AAAAGTGAAG	900
	CGnATGTAGG CGTTTGGACA GAAGAAAGTG TGGCCGTATC ATTTTAAACA AGTCGTGATA	960
	TTCCATTGTA TAAAGTTGTA AAAATGGACG TTGATCGTTT TGCTACTTAT GAATTAGATG	1020
40	AATTGTTTGA TGAACAAGAC CATATTATTA TGAATCAAAC AATGAAGAw GAAGGGCATC	1080
	TACTAAACGT TGTAGCTGTT ACACAAGAAG TGATGACGGA ATTAGATAAA ATTAGAATCA	1140
	AAGAATTTGT CCAAGATGTA GCGAAATATG ATGAAGTATA CGGCTTAACT AAAAAAGGTA	1200
45	GTAAGCAGTT TATTCTCATT AGTGAAAATG ATAGCGACGA AAAAAAGCCG CATATTATGC	1260
	CTGTATGGAG TATTAAAAAC AGAGCGTTAA AAGTTCGAGA TGAAGATTTT GAAGAGTGTG	1320
	ATTTAATTAC GATTGAAGGT TCTGTTTTCG GAGAATGGCT AGATGAACTT AGAGATGATC	1380
50	ATAAAGCCGT TGCGATAGAT TTAAAACTG GCGTGGTTGG TACAATTGTT TCAGCGCAAA	1440

	ATGGAACAAT ACGTATTCAA AACACTTAGA CCATAAAATA AAAGGCCATT TATATAGCGT	1560
	TTATTTAAAA CAACGCGCAT ATAAATGGTC TTTTCTATT TTTCTAAATA TAATGCACCA	1620
5	ATAGCACCTG TAAAAATGCGC CGTTTTCAAC ATAGTACGGT TTGCAACCGC GTAACACAGT	1680
	ATAATCTTCC ACAACTTTGC GTAATAAAGC GTTATTATGA AATGAAGAAC CGATATAAAC	1740
	GATATTTTCA GTTTTAAATT CACGTGCAAC AGTAATGGCC ATTGTCGTAA CAACTTCGCC	1800
10	AACGACACCA ATAACGGCTG CTAATTTATT GCTAGGTGTA AAATCAGCAT CTAAATGATG	1860
	TAGTACATGA CCAAAATTAG CTGCTGTAA ATCACCAGGA ATGGGTGGTT CGGTATCTTT	1920
	ATAAATATGT CTAACCTTTA AATCGATAGT GTTACGATCA CCGTGTGTG CCATGTCAGT	1980
15	TAACTGTTTA TAATCAGTGA TTTGACTTAG TAAATAACCG AGTCCTTGAA TCATGCCTCC	2040
	ACCTGTACCG ATACCGCCTA CACGACGTTG TGATTGGCCG TCGAAATAAT GTAGTGACGT	2100
20	ACCGGTACCA ACATTTGCAA AAATATAATC TGCTAAGTCA TGGCCTTGCT CTTTAAACAA	2160
	AATACCTAGT CCTTGAGATG CAGCATCAAA CTCTACAAA ATTTGTGCAG GAATGTTGAT	2220
	GTTTTAGCA ATGACACCTG CATTACCTCC AGTTAAGCAT AATTTTTCAA TTTGCTGTTG	2280
25	GTTTAACCAT TCCACAACCT GATCAATATT TTAGTTAAT TCAGTTTTAA AAGTACGTTG	2340
	GTTATCTTGC TCTTGAACGA TTTTAATTAG TGTACCGCCA GCGTCAATGC CAACTTTCAT	2400
	AAGATTCCCA CCTCATTATT AATGTCTATC CTTAAATAAT AGTATAGTAA AATGACTAAA	2460
30	AAACAAGTAA TAATAGTAAT TATTAACAAA TTTGATGCCa TTGCATTTCa ACATTGTAAG	2520
	cGTATCGCAA TTAAtGTTTT ACAACGTGG ACGTTAAGTt ATATATATTA TTTTCTAGGA	2580
	ATTTTGAAGT TGTATAGGAT TGTTAGTTAG TGACGCAATA TTAAGTAGT TTCGTACGCA	2640
35	GTGTATTTGT AAGTCTCTGA TTAAATGAT AAGTAATGAG GAATAGTACA TTAATTTTGA	2700
	AATTTAAAA ATATAAATAA GTAATTTATT TAACTTAGAG CAAATAATGG TATCGTAGTG	2760
	AAATAATAGG TAAATAATA TGGGGATTCA TGCTTCATAT ATAAAAAGAT AGGGGTAAA	2820
40	TATATGGCTA AAGAACTTTG TTTTGAAGGT ATCACTTTAA AAGCATTGTA TGAACAATAT	2880
	CGTTCAGCAA TTAATGATTT TGACTTGAAT GAAAGACAAC AAATATATTC ATCTTTACCT	2940
45	AAAGAAGTTA TTGATGATGC AATTAATGAT GCTGATAGGA TTGCTAACGT AGCAWTAAmC	3000
	GATAAAAATG AAGTGGTGGG CTTTTTGTG TTACATCGTT ACTATCAGCA TGAAGGTTAT	3060
	GATACACCTG AAAATGTCGT TTATATTCGT TCATTATCGA TTAATGAAAA ATATCAAGGT	3120
50	TTTGATATG GCACGAAAAT AATGATGTCA TTGCCGCAAT ATGTTCAAGG TGTATTTCTT	3180
	GATTTTAATC ATCTATATCT AGTAGTAGAT GCGGAAAATG ACAATGCTTG GAACCTATAC	3240

CTATATTACT TGGACTTAGA TTCAAAACAT GTTTCATCAT TAAAGCTTGA AGAAGAAAGT 3360
 CGTTCAGAAG TGACCAATGT ACATATCATT AATTTAATGA TTGATGGCCA AAAGGTGGC 3420
 5 TTTATCGCAT TGGAGCAGAT TGGTGAACGC ATGAACATTG CTGCTATTGA AGTGGATAAA 3480
 TCATATCGCT TTAATGGTAT TGGTTCAAGT GCTCTGCGAC AATTGCCAAC TTACTIONAAGA 3540
 AAAAACTATG ACAACCTTAA TGTGATTACG ATGATTCTGT TTGGAGAGAA TAATGATTTT 3600
 10 AAACCATTAT GTTTAAATAG TAATTTGCTT GAAATCGAAC AAACTGATGA TTATGTCGTT 3660
 TTCGAAAAAT ATTTAAATTA CTAACAGTGA TTGCGAAATA TGATATTGTC ATTTATAATT 3720
 TAGTTTTGTT ACTATATATA AATGAATTCA GACGTATAAA TTTAGATTAT ATCCTTCGAA 3780
 15 AGGAAGTATT GGGCAATGAA AATTCAAGAT TATACAAAAC AAATGGTTGA TGAAAAATCA 3840
 TTTATTGATA TGGCTTATAC ATTATTGAAT GATAAAGGCG AAACAATGAm mTTATATGAT 3900
 20 ATyATCGATG AATTTAGAGC GTTAGGTGAT TATGAGTACG AAGAAATTGA AAATCGTGTT 3960
 GTACAATTTT ACACGGATTT AAACACAGAT GGTGTTTTTT TAAATGTTGG AGAAAATTTA 4020
 TGGGGATTAC GTGATTGGTA TTCGGTAGAT GATATTGAAG AGAAAATCGC ACCAACTATT 4080
 25 CAAAAATTCG ATATTCTGGA TGCAGATGAT GAAGAAGATC AAAACTTAAAT ATTATTGGGC 4140
 GAAGATGAAA TGGATGACGA CGATGATATT CCAGCTCAAA CAGATGATCA AGAAGAACTA 4200
 AATGATCCAG AAGATGAGCA GGTGAAGAA GAAATCAATC ATTCGGATAT AGTCATTGAA 4260
 30 GAAGATGAAG ATGAACTAGA CGAAGACGAA GAAGTGTGTTG AAGACGAAGA AGACTTCAAC 4320
 GATTAATTTT TTGTTGACT TTTAGTTGAA AGATGATAAA ATTTTATTCG GGCTCCTTTA 4380
 AATAGGACAC GTGTATAAAA TTTATACGCT CCCCTTACAG AATTTGTGAG AGGGAGCGTT 4440
 35 TTTTtATTTA ATTGAGTAAA TCAAGAAATG ATAACGCAAA AATCAAAGTT GTAAATGATA 4500
 TACATAGTGA CATAGCAGTA TGGAAACGGT AAGTAAACAG AATTTAATTT TGTGAtTCG 4560
 ACAAtAAaCA aCTtGAaTGA GCTTGCTTTA ATGTTATGTh nTACGTAATT TTTACAATTG 4620
 40 ATGAGGAAGC ATTCCCTTTA ATAATTAGGA GGTCAAGACA TGACAAAATT TATTTTTGTA 4680
 ACAGGTGGCG TAGTTTCATC CATTAGGGGA AGGGT 4715

45 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 204:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 918 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 50 (D) TOPOLOGY: linear

55

ATAATAACTG AAATTAAAAT TGCTAAATmG TGTtaAgCTA TCGCmACAAT GAAAATwCCG 60
 ATTTTTCGTT GTTGAAAATA TCTTTCCAAA CCAAGAATCG ATAATGGCAA TAAATATAAT 120
 5 AAATTTCCAT AAAATGACCA AGTAAAATTA AAGTATATAA CGACAGTTGA CATGCCGTAT 180
 AAAATCGTAG CGATCATATT TGCTGAGCGT TTAAAGTGTA ATATTTTAAA TAAGTAGAAG 240
 GTCACGACAA ATGTTATGAT AGCTCGTATC ATAGCCATAA TAAGTTGGTT TGTCGGCCAA 300
 10 AAATGTATTG TCGTCGGATT AAATATACCA ACCGTTTCTC CTATTTTAAAT GAakAGAAAA 360
 TTTAGCCACA TTAAAGGTGA CAGCGAATAA TAATmTGATA GTCCTTTCAT ATAATCGCCA 420
 CCTAmTCCAA ACGATGCATC ATtTAAACTA GAAnAACTAC GTAGATGTTT ATACAnATAC 480
 15 ATTTGAAATG GCATCATTTG ACGGAATCCA TCTCCAGCCC CGCTAAAAAC AGTACCATTG 540
 ACAATATAAT CATAGATATG AGTAGAAAAT AAAATAAGCG TTAATATTAC ACTAATGAAA 600
 20 GTTATAACAA AGAATTGTTT GACGTTTGAA TTAGCCACT TTTTAAACAC AACATTATCC 660
 TCAACTTTCA AATTTAAAAT TAAGTTTAAAC TGAAACTAAA GTTAATGAGG TTCTTGATAG 720
 GTAAAGACGA AGATGACTGT GGAACAGATA CCTTATCATA GTTACTTAAA CTTTGGATCA 780
 25 TTTTCAGTTT ATCATTAAAC AAATATATTG AATAATAAAa aTGTCATACT GATAAAGATG 840
 AATGTCACTT AATAAGTAAC TTAGaTTTAA CAAATGATGA TTTTAAATTG TAGAAAACCT 900
 GAAATAATCA CkTATACC 918

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 205:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 16397 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 205:

TCGCCCNATA ATCAATTTAT TTTTCATGTG CCACTCCTAT ACAAGCTnAC AATGCTTCTT 60
 CAGTTAAGGC AATATCTTTT AATTTTGTTT GATATTTTGT TTCAAAGTCA TATTGTAAC 120
 45 GAACAATTTT TGGCAAACCA ATATGCCAAT CCGCCAATTT TTTTTTAyCT TtGAAGAGCT 180
 CTTTTGGTGA TGkTTGcGAC ACTATACTAC CTTCTTTCAT AACGATGACT TCATCTGCAT 240
 AACGCGCGAC TTCATTCATA TCATGTGAAA TTAGGATAAT TGCCTTATTT TCATCTGTTT 300
 50 GTAGTGACTT TAGTAATCTC ATTACTTGTC GTTACTTTTG TGGATCAAGT CCTGCTGTAG 360
 GTTCATCAAC CACGATAATA TCAGGATTCA TTGCCAATAT CGATACAATC GCTATTTTAC 420

	AATCCATCAA CAGACGATGG GCATAGTTTT TGGCTTCATC TAAATTCATT TTAAAGTTTT	540
	TAGGTCCAAA TATCATTICA CGCTCTACTG TGTCTCATAA TAATTGAGAT TCGGGAAATT	600
5	GAAATACCAT TCCAATTCTT TTTCTTACAG GTCTAATATA TTTATCTTTG GTCTTATGTG	660
	TAATAGTAAT GTCATCAACT GTAACGTGCC CAGTAGTCGG CTTTAACAGC GCATTAATAT	720
	TTTGTATCAA CGTTGATTGA CCACTACCCG TTTGTCCAAC GATGGCGTAA TATTTACCTT	780
10	GTTCAAATTC TGTATTAACA TCATGAATAG CTTGATGCTG ATATGGTGTC CCTTTTGTAT	840
	AGGTATAACT TACATTGTCA AACCGTATAG TCATAGTTGA TCCACCAGCC CTTCATAAGT	900
15	TAAGAATGAT GTTTGGTGTC CCAGCATTTC ATTTATTTTG ATTGGGAATG GCAAATCTAG	960
	ACCTATTCTT GTTAACTCTT CTGCATTGTC GAAAATTTCA GTCGCTGTGC CTTCTTTATA	1020
	GACAGTCCCT TTATTCATAA CGATAACATG ATCTGCTTCC ATCGCCTCAG ATAAATCATG	1080
20	CGTAATAGAA ATGATTGTAA TATTATGTTT TGATTTAACT TTTCTCACTA AATCCAATAA	1140
	ATTTTGACGT GCATCAGGAT CTAACATAGA AGTCGCCTCA TCTAATATAA TGACAGAGGG	1200
	GTTAAGTGCT AATACACTTG CTATAGCCAC ACGCTGCTTC TGTCCCCCG ATAATGCATT	1260
25	AGGTTTATAA TCTGCACGTT CTAACATATC AACTTGTTTA AGTGCTTCGC TGACTCTTCT	1320
	ATGCATTTCG TCATATGGAA CCGCATGATT TTCGAGTCCA AATGCCACAT CGTATTTTAC	1380
	AATTGAACCA ACAAATTGAT TATCCGGATT CTGAAATACA ATTCCTATGT CTTTTCTTAA	1440
30	CTTTTCAAAA TTATCATCAG TTATAGCTTG ATTATTATAA AAAATTCTC CAGATTTAAC	1500
	TTTCTCTATG CCAATCATTG ACTTGGCAAT TGTAGATTTT CCAGAACCGT TATGACCAAC	1560
	AATAGATGTC CACTGACCTT TAGGTATATT AAAAGAAACA TCTTTCAATG TGAAGGATGC	1620
35	ATCACTTTGA TATTGAAATG AAACATTTTT AAATACAATA ACTGAATTCT TATCCTCCAC	1680
	TTGTCTCTCT CTTTACGAT TCGTGTATCT ATCATATTTT ACAATATTTA TAAATCGCTG	1740
	TATATGACAT TGACTGGGTT CTCTATATAT TACTAGTATT TTCTGACTCA TTTCTAGTCT	1800
40	TTAAAGTGTT GTTTAACAAC TAATGATAAG GACTTTTATT CCTCTCTAAC AATTATGTAT	1860
	AAACGTTAAT AAAATAAATG ATTTACTAAT ATAGGGGTGG TCGCGTTTGA TTCAACGATA	1920
45	ATACTTTCAC TTCATTGAGT TCTAGTGAAA TTGATCAAAC TAGCTTCATC ATATTTTATG	1980
	ATTCGCACTC AAAAAAGTAA ATATAAAGAA ATCGGACTTA AAAACATTTT TGTTCATAAG	2040
	TCCGATATTT TATTCAATAA AAAAGCGCGC ACCCCATCAT AAGTTTGTTG AGTTCACGCT	2100
50	TTAAATCTTT ATTTAGTTGA TGGGGTACTC TGAGCTAGAC AATATTTGTA TGTGGCAAAC	2160
	ATTACCGTTG CACTCATTTG CTTTATATAA AAGTAGTTAG TGTATTTATA TAAATCTTAA	2220

55

	ACGAGTGTAA CCACCTTGAC GTTCTGTGTA AcGCTCTGCG ATTTACACAA ATAATTTTTG	2340
	AAGTGCAGTT TGTGTAGTTT CATCTTCGTT TAAGATTICA ACATTACGTA AAGTTTTAGC	2400
5	TGCATTACGA CGAGAAGCTA AATCTCCTTT TTTACCTAAA GTGATTAAAT TCTCAACAAC	2450
	ACTGCGAACT TCTTTTGAC GAGCTTCTGT AGTTTCAATA CGTTCACATA TAATAAGTGA	2520
	TGTAGCTAAG TCACGTAACA TAGCTTTACG TTGATCAGAA GTACGACCTA ATTTTCTGTA	2580
10	ACCCATGAGT TAACCTCCTT TATCAATCTT CTTTTCTTAA TCCTAATCCT AAATCTTCTA	2640
	ATTTGTATTT AACTTCTTCT AAAGATTTAC GACCTAAATT ACGCACTTTC ATCATGTCAG	2700
	CTTCAGATTT GTCAGCTAAC TCTTGAACAG AATTGATTCC TGC CGCTTTT AAGCAGTTAT	2760
15	ATGAACGTAC AGATAAGTCT AATTCTTCAA TAGACATTTT TAATACTTTT TCTTTTTGAT	2820
	CTTCTTCTTT TTCAATCATG ATTTACGCGT TTTGCGCTTC ATCAGTAAGA CCAACGAAGA	2880
	TATTCAAGTG TTCAGTCATT ATTTTGGCTG CTAATGAAAC TGATTCTTGT GGTGTGATTG	2940
20	AACCATTAGT CCAAACATCC AATGTTAATT TATCAAAATC ACTGCTTTGA CCTACACGTG	3000
	TATTTTCAAC AGTATAGTTC ACACGTTCAA CAGGTGAATA CAATGAATCA ACAGGGATTA	3060
	CACCAATTGG TAAATCACTA GTATTATTTT GTTCTGCTAA TGCCTAACCT CTACCCTTGT	3120
25	TAGCAACTAG ACGAATTTTT AAGTGACCAC CTTTAGATAC TGTGCAATT TTAAGCTCTG	3180
	GGTTTAAAAT TTCAACATCA CTATCATGTG TAATGTCGCT TGCTGTTACT TCGCCTTCAT	3240
	CACGTACATC AATTTCTAAA GTTTTATCTT CTTACAGAGTA AATTTTCAAT GCTAATTGTT	3300
	TAATGTTTAT AATAATTGTA GAAACATCTT CAACTACATT GTCTACTGCT GAGAATTCAT	3360
	GTAAACTCC CTCAATTTCA ATATACTTAA CGGCTGCACC TGGTAATGAA GATAGTAGGA	3420
35	TACGACGTAA GGAGTTTCCT AGTGTAGTAC CGTAGCCACG TTCTAGTGGT TCAACAACGA	3480
	ACTTACCGAA TTAGCATCT TCACTAATTT CAATTGCTC AATTCTAGGT TTTTCGATTT	3540
	CTATCATTTA AATATCCTCC TTATATACGT CGACTTAATT TAAAATGTTT GCTCAGTGAC	3600
40	CTGTAACAAT ACCATCATAA ATTATACAG ACGACGTTTT GGTGGACGAC AACCGTTATG	3660
	AGGTACTGGA GTAACGTCTC TGATCGCAGT TACTTCTAAA CCTGCAGATT GTAATGCACG	3720
	AATAGCTGAT TCACGACCTG GACCAGGTCC TTAACTGTT ACTTCAACTG TTTTTAAACC	3780
45	ATGCTCCATA GCTGATTTAG ATGCAGTTT AGAAGCCATT TGTGCTGCAA ATGGTGTGTA	3840
	TTTTTTAGAT CCTTTGAATC CTAATGCACC AGCTGATGAC CATGATAAAG CATTACCGAA	3900
	CTCATCAGTG ATAGTTACAA TAGTGTTGTT GAATGTTGAA CGGATGTGTG CTACACCATT	3960
50	TTCAATATTC TTTTTCCTC TACGTTTACG AGATACTTGT TTACGTGCCA TTTAAAATTT	4020

55

	CGCGCGTkgT TTTTCGTTTT TTGACCACGA ACTGGTAAAC CACGACGGTG ACGGATACCC	4140
	ACGGTATGAT GAAATTrCCA TTAAACGTTT GATATTTAAG TTAGTTTCAC GACGTAAGTC	4200
5	ACCTTCGACT TTATAACCGT CTACAACTTC ACGGATGCGA CCTAATTCGT CATCAGTTAA	4260
	ATCTTTCACA CGAGTATCAG CTGATACGTT AGCTTCTTCA AGAATTTTTT GAGCAGTTGA	4320
	CGTACCGATA CCGTATATAT AAGTTAATGA GATAACTACG CGTTTTTCAC GTGGAATATC	4380
10	TACTCCTGCA ATACGTGCCA TATTAATTTA CACCTCTCTT TTATTAACCT TGTCTTTGTT	4440
	TGTGTTTTGG ATTTTCACAA ATTACCATTA CTTTACCTTT ACGTTTAATG ACTTTACATT	4500
	TTTCGCAAAT AGGTTTTACT GATGGTCTTA CTTTCATTTT TATACCTCCC TATATTATGG	4560
15	AGTGACGATT ATTTATAACG ATAAGTAATT CTTCCGCGTG TTAAATCGTA CGGAGACATC	4620
	TCAACAGTTA CTTTGTGCGC AGGTAGAATA CGAATGTAAT TCATTCTGAT TTTACCACTT	4680
20	ACGTGAGCnA AAATCTCATG ACCATTTTCT AATTCTACTT TAAACATTGC GTTCGGTAAA	4740
	GTATCTAATA CAGTACCTTC TAATTCAATT ACATCTTGTT TAGCCATTGA TTAACCTCCC	4800
	CCTTTTTGCA ATAGTAAGGT AATCGTCAAT AGACAACTTT ATTGTTACGA ATCTATCAGT	4860
25	GATTAATTTT ATAAGTTAAA CAAAAATTAC GGGAAATTAAT TATCGTTAAT TGCCACTCTC	4920
	ATCTATCTAA TATGATTAAA TCATGCCTCA CTTAAATAG ACCGCTAAAA GTTGATCTAT	4980
	TACAAATGAT CTAAAATATC AATGACATCT TTGGTAACGT CGCTAATATC TTTTGAACCA	5040
30	TCAATATTTT TCAATACACC TTTTGTATCA TAGAAATCTA AAATAGGCTT AGATTGTTTA	5100
	ATATTAACAC TCAAACGATT AGCTACCGTT TCAGGATTAT CATCTTCTCG TTGATACAAT	5160
35	TTACCACCAT CGATATCACA AATACCTTCG ACTTCGGAGG ATTAAATACA AGATGATACG	5220
	TTGTACCACA TGA CTCACAG ATTCGACGAC CTGTAAGACG GTTCATTAAAT TCTTCTCCG	5280
	GAACtTCGAT ATTGATGACA GCATCAATGT TTCTGTCAAG CTCAGACATA ATATTATTTA	5340
40	ATGCCTCAGC TTGCTCGATT GTTCTTGGGA AGCCATCTAA TAAAAAGCCT TTTTTTGCAT	5400
	CGTCTTCAGA AATTCTTTCC TTAACGATAC CTACAGTCAC TTCATCAGGA ACTAATTCGC	5460
	CACGGTCCAT ATAAGACTTA GCTTCTTTAC CTAATTCAGT TTCTTCTTTT ATAGCTTTTC	5520
45	TGAACATGTC ACCAGTTGAA ATGTGGGGTA TTGGGAATTT CTTGaCAATT TCACTTGCTT	5580
	GAGTTCCTTT ACCTGCGCCA GGTAAACCCA TCAAAATGAT ATTCATAAGT GCCCTCCTAA	5640
	AATTATCTAC CACCAAAGCC TTTATATTCT TTTTGAGATA CTTGAGCTTC TAAAGATTTT	5700
50	ATTGTTTCAA TCGCTACACC AATAACGATA AGTAACTTG TACCACCAAT CTGAATTGAT	5760
	TGTGGTAATC CCATAAACTT AGTTGCTAAT ATCGGTAGAA TTGAAATAAC GGCTAAGAAG	5820
55		

	CCAGGTCTAA TACCTGGAAC ATAGCTACCT TGTTCCTTAA GGTATCAGC CATTTTTTCC	5940
	GGATTAACCT GTACAAATGC ATAGAAGTAT GTGAATAGTA TAATTAGTAC AATATATACA	6000
5	ACCATACCAA CATTACTTGA AGGATTTGCA GCATTCGCAA TGTTTTGTGC CCATTCTTTA	6060
	TCTGGATAGA ACAACGTTAA TGTTCTAGGC AGTAAGAAGA ACGCCATTGC AAAGATTACA	6120
	GGAATAACAC CGGCTGAGTT CACTTTTAAA GGTAGATAAG TTGCCTGTGA ACCTAATCTT	6180
10	TGAGCAGTTT GTTCTTAGC ATATTGAATC GGAATTTTAC GAACGGCTTC AAGTACATAA	6240
	ATAGCACCTA CAGTTAATAG TATCAGTGAC ACTAAAAGTC CTAATACTTT CAACCATGCT	6300
15	AATGATGTAT CTTCTTGCCC AACGAACGCA tTTGTcCAA TTGAATTAGA CTGGCTGGCA	6360
	ACGTTGATAA AATACCCGCA AATATGATAA TAGAAATACC ATTACCAACA CCGAACTGAG	6420
	TGATTTGATC ACCAAGCCAT ATTAAGAAAG CAGTTCCTGC TGTrCAAAC TAGTGCTATT	6480
20	AATAAATAAC TCATAATTGA CTGATTGATA ATCAGCGCAC CTTTGAGATA ATTATTAAAT	6540
	TGGAATGCCA TACCTATAGA TTGGATAAAT GCTAAAGAAA TTGCTAAATA ACGAGTAACG	6600
	TTATTTAACT TTCTTCTACC TACTTCACCT TGTTTTGCCC ATTCTGAGAA TTTAGGGACA	6660
25	ATATCCATTT GTAATAATTG CATTACGATT GATGCAGTGA TGTAGGGTAC AATACCCATT	6720
	GCAAAAATAG AAAATCGTTT cAAGGCTCCG CCACCAAAG TATTTAATAA CTCAGTGGCA	6780
	CCTTGAGAAC CTTGGGGATT ATCAAAAGCT GCAGGATTTA CTCCTGGAGC TGGTATATAA	6840
30	GTCCCTATTT TAAAAATTAC TAACATTGCT AGTGTGAAGA AAATCTTGTT ACGAACCTCT	6900
	TTTGTTCCTAA AGAAGTTCAC AAGGGTTTGA ATCATTAGAT CACCTCGTGT GcTCCACCTT	6960
35	TAGCATCAAT AGCTTCTGCT GCTGAAGCTG AGAATTTATG AGCTTTCCT GTCAATTTCT	7020
	TATCAAGTGA ACCATTACCT AGTATTTTGA TACCAGATTT TTCATTCTTA ACAACACCAG	7080
	ATTCTACTAA TAAAGCTGGA GTTACTTCAG TACCATCTTC AAATTTATTA AGTTGGTCTA	7140
40	AGTTAACAAT AGCATATTCT TTACGATTTA TGTTAGTAAA ACCACGTTTT GGTAAACGAC	7200
	GGAATAATGG TAATTGACCA CCTTCAAATC CTGGTCTTAC ACCACCGCCT GAACGAGCTT	7260
	TTTGACCTTT GTGTCCGCGA CCACTTGTTT TACCGTTACC TGTCGCAACA CCACGTCCAA	7320
45	CACGATTGCG TTCTTTACGT GAACCTTCTG CCGGTTTTTAA CTCATGTAAT TTCATTTCGG	7380
	CACCTCCTTG ATTATTTTTC TTCTACTGTT ACTAAGTGCT TAACTTTGTT GATTTGCCCA	7440
50	CGAATAGCAG GGTTATCTTC AACAACTACT GAACTGTTAG TCTTTTTAAG ACCTAAAGCT	7500
	TCAACAGTTT TACGTTGTGT TTCAGGACGA CCAATAACAC TACGAGTGAG GGTAATTTGT	7560
55	AATTTAGCCA TAACTAGTTT TCCCTCCTTA ATTGTATAAT TCTTCTACTG TTTTGCCACG	7620

	CATGTTGATT GGTGTGTTTG ATCCTAATGA TTTACTTAAG ATATCAGTGA TACCTGCTAA	7740
	TTCAAGTACG GCACGAACAG GACCACCAGC GATAACTCCT GTACCAGGTG CAGCCGGTTT	7800
5	CATAAATACG CTTCTGAAC CGTAACGGCC AGTAATTGTG TGTGGAGTTG TACCTTCAAC	7860
	ACGTGGAACA ACTACTAAAT CTTTTTTAGC TGCTTCAACA GCTTTTTTGA TTGCTTCTGG	7920
	TACCTCTTGA GCTTTACCAG TACCGAAACC TACACGACCA TTTTGTCTC CAACTACAAC	7980
10	TAATGCAGTG AAACGGAAAC GACGACCACC TTTTACAAC TTTGCTACAC GGTGATTGT	8040
	AACAACGCGT TCTTCAAAT CTTTCGTCTC TTCTTCTCTA CGAGCCATGT ATTTGTCCCT	8100
	CCTTTAAATT AAAATTCTAA TCCGCTTTCT CTTGCTGCTT CAGCTAATGC TTAAACACGT	8160
15	CCGTGATATA AATATCCTCC ACGGTCAAAT ACGATTCTT TAATGCCTTT GTCAGCAGCT	8220
	TTTTTAGCAA TTGCTTCACC GACTTTAGTT GCTAATTCAA CTTTAGTTGC TGTAGTAGCA	8280
20	ATGTCGCTGT CTTTGAAGA AGCTTGAGCT AATGTTACGC CTTTATTATC ATCAATAATT	8340
	TGAGCGTAGA TATGCTTGTT TGAACGATAT ACGTTTAAAC GTGGCTTTTC AGCTGTACCT	8400
	GATAAGTTAG TACGAACACG AGCATGTCTT TTAAACGCA CTTTATTTT ATCAATTTTA	8460
25	CTGATCATTT CAATACTCCT TTCTTTAGAG TTTATCTATT ATTTACCAGT TTTACCTTCT	8520
	TTACGGCGAA CGTATTCACC TTGGTAACGA ATACCTTTAC CTTTGTAAGG CTCTGGAGGT	8580
	CTTACTGAAC GGATGTTAGA TGCTAATGCT CCAACTTGTT CTTTGAAT ACCTTCAACT	8640
30	TTAACGACTG TGTTTTTCTC AACTGAGAAA GTAATGTTTT CTTGAGCTTT AATTTCTACT	8700
	GGGTGAGAAT AACCAACGTT AAGGATTAAG TCTTTACCTT GCATTTGAGC ACGGTAACCT	8760
	ACACCAACAA GTTCAAGTAC TTTTACGTAT CCTTGAGAAA CACCTTGATC CATATTGTTT	8820
35	AATAAAGCAC GAGTTGTACC ATGGTTTGTT CTATCTTCTT TAGAATCAGA TGGTCTTACA	8880
	ACTTCAATTG TGTTTTCTC TTGTTTGAAT GTCATTCTTT CATTTAAAGT TCTTGATAAT	8940
	TCACCTTTAG GACCTTTAAC AGTTACATGA TTTCCATCAA AAGTTACTGT TACGTCATA	9000
40	GGGATGTCAA TAATTTTCTT ACCAACACGA CTCATGTTAT GGCACCTCCT TATTTTTTAT	9060
	TACCAAACGT ATGCGATAAT TTCTCCACCA ACATTACGTT TTCTTGCTTC TTGTCAGTG	9120
45	ATTACACCTT CAGAAGTTGA TACTAATGCA ATACCTAAAC CATTTAATAC TTTAGGCATT	9180
	TCGCTAGCTT TTGCATAAAC ACGTAAACCT GGTTTTGAAA TACGTTTTAA TCCTGTGATA	9240
	ACACGCTCAT CGTTTTGACC ATATTTTAAAG AATAAACGAA GTACACCTTG TTTATCATCT	9300
50	TCTACGTATT CAACATTTT AATGAAACCT TCACTCTTTA AGATTTGAGC AATTTCTTTT	9360
	TTAATATTTG ATGCAGGTAA TTCTAACTTC TCGTGACGCA CCATGTTTGC GTTTCTTACA	9420
55		

	TCTTTTTTAT TACCAGCTAG CTTTACGAAC GCCAGGGATT TGGCCTTTGT AAGCTAATTC	9540
	ACGGAAACAA ATACGGCATA ATTTAAATTT ACGATATACA GAATGTGGAC GGCCACAACG	9600
5	TTCACAACGA GTGTATTCAC GAACTGCATA TTTTGTGTTT TTTGTGTGCT TAGCAACCAT	9660
	TGAAGTTTTA GCCACTTAAT TAGCCTCCTT TAAATAATTA TTTACGGAAT GGCATACCGA	9720
	AGTTAGCTAA CAATTCACGA GCTTCTTCAT CAGTGTTAGC AGTCGTTACG ATAACAATAT	9780
10	CCATTCCTCT AACTTTACTT ACTTTATCAT AGTCGATTTT TGGGAAAATT AATTGTTCTT	9840
	TAACACCTAA AGTGTAGTTA CCGCGTCCGT CAAATGCTTT TTTAGAAACA CCTTGGAAGT	9900
15	CACGTACACG TGGTaTGAT ACTGAAATTA ATTTGTCTAA GAATTCATAC ATTCTTTCAC	9960
	CGCGAAGTGT TACTTTTCGA CCGATTGGCA TACCTTCACG TAAACGGAAA GTCGCGATTG	10020
	aTTTTTTAGC TTTAGTFACT AATGGtTTTT GACCAGTGAT CAATTCTAAT TCTTCAACAG	10080
20	CATTGTCTAA TACTTTAGAA TTTTGTACTG CGTCACCTAC ACCCATGTTT ACAACGATTT	10140
	TATCTATTTT TGGTACTTCC ATTACTGAAC TATAATTGAA TTTTTCATT AAGTTTTCAG	10200
	TAACCTCAGT GTTaAACTTT TctTTTaAAC GGTTCaAAGT GGGATCCTCC TTTCaACTTG	10260
25	TtATTAAATTA TTAGAkTTAA TTTCTTCGCC AGATTTTTTA GCGATACGAA CTTTTTTACC	10320
	ATCAACAAAT TTGTAACTTA CACGAGTTGG TTCGTTTGTT TTAGGGTCCA ATAATTGTAC	10380
	ATTAGAAACA TGGATTGCTG CCTCTGTTTC TAAGATTCCA CCTTCAGGAT TTAATTGAGT	10440
30	TGGTTTTTGG TGTTTTTTCA TAATGTAAAC ACCTTCACAA ACGACACGGT CTTTTTTAGG	10500
	TAGAGTAGCA ATTACTTTAC CTTCTTTACC TTTGTCTTTA CCTGCGATAA CTTTAACGTT	10560
	GTCACCTTTT TTGATATGCA TGTGGGCACC TCCTTATTTG TATTGGTTGT TATTAATTAA	10620
35	AGTACTTCTG GTGCTAATGA TACGATTTTC ATGAAGTTAC CTTACGTAA TTCACGAGCA	10680
	ACAGGTCCGA AGATACGAGT ACCACGTGGG CCTTTGTCAT CACGGATGAT AACACATGCA	10740
40	TTTTCATCAA ATTTGATGTA TGAACCGTCA TTACGACGAA CACCTGACTT AGTACGTACG	10800
	ATTACAGCTT TGACAACGTC ACCTTTTTTA ACAACGCCAC CTGGTGTTGC ATTTTTAACA	10860
	GTACATACGA TAACATCGCC GATGTTTGCT GTTTTACGAC CAGATCCACC TAATACTTTG	10920
45	ATTGTAAGAA CTTACAGAGC ACCAGAGTTG TCTGCTACTT TCAAGCGTGT TTCTTGTTGG	10980
	ATCATTAGTT AAACCTCCCT TATCTCTAAA CTTGTATTAA ATAATTACTG ACTCTTCAAC	11040
	AATCTCTACT AAACGAAAAC GTTTTGTTGC TGATAAAGGA CGAGTTTCTT GAATTTTAAC	11100
50	AAIGTCTCCT AATTAGCTG AATTGTTTTC ATCATGAGTT TTGTATTTTT TAGAGTATTT	11160
	TACTCGTTTA CCGTATAATT TGTGTGTTTT GTAAGTTTCA ACAAGTACTG TAATAGTCTT	11220
55		

TTTTGTAACC TCCTCTTACT TAATTATTGA TTAGCCTTAC TTTGTTCAAT TTCTCTTTCA 11340
 CGAGCAACAG TTTTGTAGACG TGCAATCGTT TTTCTTACTG TACGAATACG TGCAGTTTCT 11400
 5 TCTAATTGAC CTGTAGCTAA CTGAAAGCGT AGGTAAAAA GCTCTTCTTT TGAAGATTG 11460
 ATTTGTTCTT CGATTTCTGA AGTGGTTAAG TCTCTAATTT CCTTAGCTTT CATTTGTTTC 11520
 ACCACCCAAT TCCTCACGTT TTACAACTT AGTTTTTACT GGAAGTTTGT GACTTGCTAA 11580
 10 ACGTAGTGcT TCACGCGCAA CTTCTTCAGA AACGCCAGCA ACTTCGAATA AAATTCTACC 11640
 TGGTTTAAACA ACTGCGATCC AGCCTTCAAC CGCACCTTTA CCAGCACCCA TACGTACTTC 11700
 TAAAGGTTTT TTAGTATATG GTGTATGTGG GAAGATTTTA ATCCAACTT TCCCGCCACG 11760
 15 TTTTCATGTAA CGTGTCTATTG CTATACGAGC AGATTGCGATT TGACGAGATG TGATCCAAGA 11820
 CGTTGTGTGA GCTTGTAAC CAAACTCACC AAATGTTACG TAcTACCGCC TTTAGAACGA 11880
 20 CCAGTTGTTT TAGGACGATG TTGACGACGA TATTTTACAC GTTTTGGTAG TAACATTATT 11940
 ATTTTCCTCC TCCACTAGTG TTCTTAGTAG GAAGAACTTC TCCACGATAA ATCCATACTT 12000
 TAACGCCTAA TTTACCGTAA GTAGTGTICAG CTTCAGCGTG tGCATAATCG ATGTCAGCAC 12060
 25 GTAACGTATG AAGTGAACA GTTCCTTCTG AATATTGTTT AGCACGAGCG ATGTCAGCTC 12120
 CGCCTAAACG ACCAGATACT TGaGTTTTGA TACCTTTAGC ACCAAGTTTC ATAGCTCTAG 12180
 TGATTGCTTG TTTTGTACA CGACGGAATG AAGCACGGTT TTCTAATTGA CGTGCGATGT 12240
 30 TTTTCAGCTAC TAAACGAGCG TCAAGATCAA CTTTTTTGAT TTCAATTACG TTGATGTGTA 12300
 CTTTTTATC AGTTAACGCA TTTAATTTGT TGCGTAAATTT TTCGATTTCT GAACCGCCTT 12360
 TACCAATTAC CATAACAGGT TTACCAGTAT GAATTGCAAT GTTGATACGG TTTGCAGCAC 12420
 35 GTTCAATCTC TACGTGAGAA ACTGATGCTT CTTTTAATTC ATTATCAATA AATTTACGGA 12480
 TTTTAAATC TTCGTGTAAA AGTGAAGCGA AGTCTTTTTT AGCATACCAT TTAGCTTCCC 12540
 40 AATCACGGAT AATACCAACA CGAAGTCCGA TTGGATTAAAT TTTTGTACCC ACAGTATTCC 12600
 CTCCTTAAAA GTTAATTAAG CTTCTTTAGC TTCTTCTTTA CCGTCACTTA CGACGATTGT 12660
 AATGTGGCTT GTACGTTTGT TAATCGCACT TGCACGACCT TGCGCACGTG GACGGAAACG 12720
 45 TTTTAATGTT GGTCCCTTCGT TAGCATATGc TTCTTTAACT ACTAATTCAT CTGTGTTTCA 12780
 GTCATAGTTA TGTTGAGCAT TAGCTAAAGC GGACATTAAT ACTTTTTCAA TTAGTGGTGA 12840
 TGAAGCTTTG TTTGTTAATT TTAAAATTGC AATAGCTTCA GCAGCATTTT TACCTCTGAT 12900
 50 TAAGTCAAGA ACTAGTCTTA CTTTACGAGG TGCGATTCTT ATTGTTCTAG CAACCGCTTT 12960
 TGCTTCCATT AGGATGTcCT CCTCTACTTA ATAGATATTA TCTTCTTGTT TTCTTGTGCT 13020

55

	TATCTTCAGT TACATATACA GGTACGTGTT TACGTCCGTC GTATACTGCA AAAGTATGTC	13140
	CGATGAAATT AGGGAAAATT GTAGAACGAC GTGACCATGT TTTGATTACT TGTTCCTTTT	13200
5	CGCTTCCTTC TTGAGCTTCA ACTTTTTTCA TTAAATGCTC ATCGACGAAA GGTCTCTTTT	13260
	TAATACTACG AGCCATTGG GCGCCTCCCT TCTTATTATG TCGGTGCAGC TTTAAGCCGC	13320
	ACACCCAAAT AAGTTGATTA TATTATTTT TCTTACGTCC ACGAACGATA AGTTTGTCTG	13380
10	ATGATTTTTT ACCACGACGA GTTTTCTTAC CAAGCGTAGG TTTACCCCAT GGTGACATTG	13440
	GAGATGGTCT ACCGATAGGA GCACGACCTT CACCACCACC GTGTGGGTGA TCGTTAGGGT	13500
15	TCATTACAGA ACCACGAACT GTTGGACGGA TACCTTTCCA TCTTGAACGT CCGGCTTTAC	13560
	CAACGTTAAC TAATTCGTGT TGTAGGTAC CAACTTGACC GATTGTAGCA CGGCAAGTAG	13620
	ATAAGATCAT ACGAACTTCA CCAGATCTTA ATCTGATTAA TACGTATTTA CCTTCTTTAC	13680
20	CAAGTACTTG AGCACTTGCA CCAGCTGAAC GAGCGATTG TCCACCTTTA CCAGGTTTAA	13740
	GCTCGATGTT GTGTACTACT GTACCAACTG GAATGTTTTG TAATGGTAAT GCGTTACCAA	13800
	CTTTGATGTC AGCTTCAGCA CCACTTTCAA CGATTTGACC TACTTCTAAT CCTTTAGGAG	13860
25	CAATGATATA TCGTTTTTCA CCGTCTGCAT ATACAACTAA AGCGATGTTT GCTGAGCGGT	13920
	TTGGATCATA TTGAATAGAA TCAACTTTG CATTGATACC ATCTTTGTTA CGTTTGAAAT	13980
	CGATAACACG GTATTGACGT TTGTGTCCAC CACCATGGTG TCTTACAGTC AATTTACCTT	14040
30	GTTTGTTACG TCCCGCTTTT TTCGGTAGCG GTTTAATAA TGACTTTTCA GGTGTAGTTT	14100
	TCGTGATTTC TCGGAAATCT AACGAAGTCA TATTACGACG ACCATTTGTT ATTGGCTTAT	14160
35	ACTTTTTAAT AGCCATTGTC GCTTACCTCC TTAATGGTAA TTGTTTTATT AGTTAAATAA	14220
	GTCGATTGAT CCTTCTTTAA GAGTTACAAT CGCTTTTCTT CTTTTGTTT TATAGCCTTG	14280
	GTAACGGCCC ATACGTTTTT TCTTAGGTTT GTAATTCATG ATATTAACAC TTGCAACTTT	14340
40	TACGTTGAAG ATTTCTTCAA CTGCCATTTT TACTTGTTT TTGTTAACAC GAGTATCAAC	14400
	GTCGAAAGTG TATTTGTCTT CAGCCATTGC TTCAGAAGAT TTCTCAGTGA TTACGGGGCG	14460
	CTTAAGAATA TCTCTTGCTT CCATTATCCG AGCACCTCCT CAACTTTTTT AGCAGCAGCT	14520
45	TCAGTAATTA CTAAGCTGTC AGCATTAGTG ATATCTAAAA CATTTAAACC TTGAGCAGTT	14580
	GTCACCTGAA CGCCAGGGAT GTTGCCTGCT GATAATTCAA CATTTACATC TTCGTTTTCA	14640
	GTAAC TACTA ATACTTTTTT AGGTGTTCT AATGTAGATA ATACATTTTT GAATTCTTTA	14700
50	GTTTTTGGAG CTTCAAGTT GAATGCGTCA ACTACAGTTA AGCCATTCTC TTGAGCTTTG	14760
	AAAGATAATG CTGAGCGTAA AGCTAAACGA CGCATTTTCT TAGGCATTTT GTATGCATAA	14820
55		

CCTTGACGAG CACGACCTGT TCCTTTTTGC TTCCATGGTT TACGTCCGCC ACCGCTTACT 14940
 GCTGAACGAT TCTTAACAGC ATGCGTACCT TGACGTAATG AAGCACGTTG TAAATTAATA 15000
 5 GCTTCGAATA AAACGCTATT ATTTGGCTCA ATACCGAATA CTGCATCGCT TAATTCGATT 15060
 GAACCTGATT TAGTTCGTC TAATTTTAAA ACATCATAAT TAGCCATTAT GCATTTCTCTC 15120
 CTTTCACTTC TTATTATTTA TTACCTTTTT TAATTGAAGT TCTGATTTCT ACTAAACCTT 15180
 10 TTTTAGGTCC AGGTACGTTA CCTTTTACTA AGATAACTTT GTTTTCTGTG TCAACTTGAA 15240
 CTACTTCTAA GTTTTGAACA GTTACAGTGT TTCCACCCAT ACGTCCTGGC ATTTTTTGGC 15300
 CTTTAAATAC TCTAGAAGCA TCTGAAGCCA TACCTACAGA ACCTGGTGCT CTGTGGAAAT 15360
 15 GAGAACCGTG TGACATAGGT CCACGAGATT GTCCGTGGCG TTTAATTGCA CCTTGAAAC 15420
 CTTTACCTTT TGATACGCCT GTTACGTCAA TAACGTCGCC AGCTACAAA GTATCTACTG 15480
 20 AGACTTCTTG AaCCTAcTcG TAAGCATCCA CGTCTACATT GCGGAATTCA CGAATGAAGC 15540
 GCTTAGGTGC TCGTCAGCT TTTTAGCGT GACCTTCAGC TGGTTTATTA GCATATTTAT 15600
 TAGATTTTGC ATCTTTTTTG TATGCTTTTT TGTCTTCAA TCCAACCTGG ATTGCGTTGT 15660
 25 ATCCATCAAC TTCTACAGTT TTCTTTTGTA ATACAACATT TTCTTTAGCT TCTACTACTG 15720
 TTACAGGGAT TAATTCACCG TTTTCTCCGA ATACTTGTGT CATCCCAATT TTTCTTCCTA 15780
 AGATTCCTTT GGTACGCGAA AGTCCACCTC CTAAAATTGT CTATTATAAT TTGATTTCGA 15840
 30 TGTCTACACC AGATGGTAAG TTTAAGCCCA TTAAAGCGTC AACTGTTTTT GGTGTTGGGT 15900
 TTACAATATC GATTAAACGT TTGTGTGTAC GTTGTTGCGA TTGTTACAGT GAATCTTTAT 15960
 ACTTATGCAC GGCACGGATG ATTGTGTAAG CTGATTTCTC AGTTGGTAAC GGAATTGGTC 16020
 35 CAGAAACATC TGACCAGAA CGTTTCGCTG TTTCTACAAT CTTCTCTGCT GATTGATCAA 16080
 TTACGCGGTG ATCATAAGCT TTTAATCTGA TTCTGATTTT TTGTTTTGCC ATAATTTTCC 16140
 40 CTCCTTATTC GTCTACATTT AGTGATAGAC TTCTCCACGA AACTATCTT ACACAGCGCC 16200
 ATGGCAAAGC GGCCGGGTGT GTCAGTAACC TTTCGCTTCA TCGCTTTTCT TAAAGTCCAA 16260
 CGTTAGTTAT ATTACACGAA AAACATCGAT AAATCAAGGC TTTTCACATA ATTTTCTAT 16320
 45 CTGTCTAACA CATACTTTTA TATTTnACTT TATATACTTA GTCAGTTCAA CTATTTTCGA 16380
 GATATTTTnA ATTCCn 16397

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 206:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 29555 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 206:

5	TnAGTTGTTT CTGCCACGAA AGATTCAATG GCTTTTCTTG CTTTACGCTT TTCTTTCAAT	60
	GGCAAATCAC CAATCATTTT TTTAAGGTGA TGTGGGTTTA CAACACCACT ATACTGGTAG	120
	TCATTTGAAn TTGTTTTTAG GGCTTGTTCA TCGATAGATC TCTCTCCAGC AAATCCTTTG	180
10	AACTCCGCTT CTTTTTTAAT ACTTTCGAAA TTAACATATT CTTGATCGAT ATCATCATCC	240
	TTATTTAAAG AAGGTACAAC ATTGTCGATG AATTCTCTAA TTAGATCTCG TTTTAACCTC	300
15	AATGtCGGAT CATCTGCATG ATCTAAAATG CGTCTAATTT GTTCTTGTTT ACGACGTTGT	360
	TCCGCTTTGT CTTCAAGATC AATTTGTCTC AATATATTCA TAATATAATT CACATTAATC	420
	GTATCATTAC GCATCATTTT TATTTTCGAAA TCAATATCAT TTAAAATGGA TACTTTATTT	480
20	TTCTCAGCCG TCGCTCTTTT TACTTGATCG TACACAGCTA AATATTTACT TTTATAGTCT	540
	TCATTCTCTT GTTCATCCAT TCCAATTTCA TCAATTGTAA ACTCAAACCTC GTCAAATGCT	600
	TTTAAACGTA ATATTATTTT AGCTAATAAA CGATAAGCtT CAACAAAGCG CTTTAGCTCT	660
25	TCTTCATCtT GaATGtCATC AACCATGTGT GGTGTCGGCA CAATCATTTT AAGCTCACGA	720
	TAAGCGTCCA TAAATTCCTT TTTATACTCT TCATAACTGC GCATTAAAAT TGTATCCGTA	780
	TCATTTGTTT GTGAGAATAC TCTCAGTGCA TCGTCTGTCT CTTTTTCAA GTCACGATAG	840
30	TTTACAATTT TACCAAATGG CTTTGATTCT TTTTCAACCC TATTTGTACG TGAATACGCT	900
	TGAATTAAAT CATGATACAT TAAATTCCTA TCAACATATA AAGTGTTTCA TACTTTACTA	960
35	TCAAAACCAG TTAAGAACAT ATTAACAACG ATTAAGATAT CAATTTTACT ATCTTTAACG	1020
	CCCTTTTAA CGTTTTTtGA AATATGATTA AAATACTCAT TAGTTGtGGC TGnTGaAAAA	1080
	TTCGtCTCGA ACTTTTTATT ATAATCACTA ATCATTATCT CTAATTTTTC ACGTGAATGA	1140
40	TATGGCACTT CACCATCACG ATCATCTTCA TTAGGTTTAA ACGTAAATAT ACCAGCTATC	1200
	GTTAACGGTT GTTCCAACCT TTTGTTAAGT CGCTTAAATG TCTCATAATA TTTAATAAGC	1260
	GCGTGAATAC TTTGGACTGT AAATATACTT GAATATTGAC GATTACGTTT ATATTTATCA	1320
45	TGATTATTGA TGATATGTCG TGTTACTAAT TCCACACGTT TATCCGCTAA CCATACTTCT	1380
	TCCGTATCAA TTGCTTCAAC CATGctGTTA TCTTCTGCTT TTAAAGCTTT ATTTTTAAAA	1440
	GTATTAAATAT AGTCAACTGA GAAACCAAGT ACATTACCAT CATGAATGGC ATCTCTAATT	1500
50	AAATACGTAT GTAAGCATCT ACCGAAAATA TCTGCAGTTG TTCTACCATC TTGACTACTA	1560
	TTTTCTGGAA AACGTGGCGT ACCAGTGAAT CCAAAGTATT GGGCATTTTT GAAATGTTGT	1620
55		

	ACTTTAATCG	TTTTATACTG	TTCTAATAAA	GGGGCATTCC	CTTGAATCGC	TTTAGCCATT	1740
	TTTTGAATCG	TCGTTACAAT	AAGTGGCAAA	CTTTTATCAT	TTAGTTGGCG	TACCAGTTGC	1800
5	GAGGTATTAA	AAGTTTTGTC	TACAGCACCC	TTAGCAAATT	TATTAAATTC	CTCTTCTGTT	1860
	TGACTATCCA	AGTCTTTACG	GTCAACCAAA	AAGATAACTT	TCTTAATGTC	ATCTTGCTGT	1920
	GATAAAATCT	GACTCGCTTT	AAAAGAAGTC	AACGTCTTAC	CACTTCCAGT	TGTATGCCAT	1980
10	ACATATCCAT	TATTCCCTGT	CTCAGTCGCT	TGTTGAATAA	GTGCTTCTAC	CGCATACACT	2040
	TGATACGGAC	GCATTGCCAT	CAGTATTCTA	TCTGTTTCAT	TAATAATCAT	ATAGCGCGAT	2100
	ATCATCTTAG	CTAATTGACA	AGGTCTCATA	AATGACTCAG	CAAACGATTG	CAATGTATTG	2160
15	ATACGGTTAT	TCTGTTTATC	ACTCCAATAA	AACATGTGAC	TCTTCAATAG	TTGCTATCA	2220
	TTATTAGAAA	AGTATCGCGT	TTCAACACCA	TTACTAATGA	TAAACATTTG	TATGTAGCGG	2280
20	AATAAGCCTG	TGTAATTTTG	TTTGCGGTAA	CGTTTTACTT	GGTTAAACGC	CTCATTAAATA	2340
	TCAATACCTC	GACGTTTCAA	TTCAACTTGG	ACAAGGGGTA	GTCCGTTGAT	TAATATCGTT	2400
	ACATCATAAC	GTGCTTTATA	TGTATCCTCG	ACAGATACTT	GATTCGTCAC	TTGAAACTTA	2460
25	TTTTTACACC	AACTTTTCGT	ATCTAAAAAC	GACAAATAAA	TCTCAGACTC	ATCATCACGT	2520
	CTAAGTGGTA	ATTTATCACG	TAAAATACGG	GCACTCTCGA	AAATACTTTT	TCCATCAATC	2580
	ATCGTTAACA	GACGTTGAAA	TTCTTTATCT	GTTAAaGGGAT	TGCCTTCTAA	TTTGTCCGCA	2640
30	TGACGCTCAT	TTAAAATCGT	TCTAAAATTA	TCAAGCAATT	GCTTATTATC	ACGTATCGTT	2700
	ACTCTTTTCGT	AACCCAATTG	TTCAAGTTGA	TTCATCATT	CATTTTCTAA	TGCGTATTCA	2760
	CTTTGGTATG	CCATTCATAT	CCCCTTCCAT	ACACTTCTA	TTGCTCTAAA	TATATCATAA	2820
35	ACTTTAATGA	AAAATGTTTG	TTTTTTATCT	TCAAACGTAA	ATTTATTCTA	ATTTTATTGT	2880
	CTTAICTTTT	AATATTTGTC	TTTGAGGTAA	GTCGTATACT	AAAATTTGAA	TACAAATAAT	2940
40	CAAATCATTG	ATAAATTTTT	TGTCTACGAT	TAATGGAGGG	ACTTGAATGG	TGTTAATTAC	3000
	CTATCAAATC	ATTTTATTTT	TTATTATTAG	TCTAAGTTAC	TATTTAACTT	TAAATCATT	3060
	CATGGCAGTC	ACTGTAGGTA	ACTTCACTTC	AATATTCGGC	ATGTTGCGAG	CCATACTCTT	3120
45	TATGTACTAC	TACCTACTCT	ATAAAAGTCC	CGAATACAAT	CAACGCAAAC	GATTTAAACA	3180
	TTTCATTTCAT	ATCACTAATT	TGATAATAAT	TGCTTTTAGC	ACCTTCGTAT	TAGTTCATTT	3240
	AGCATTAAAA	TTATTCTTCA	GCATTTAATT	TCCATCTATG	AAAAAAGCAA	AGCTCAAATC	3300
50	TGAACTTTGC	TTTAATTTGT	CACGCCTTTA	TCATTTTCAA	AATAGCCTCT	ATGCCAGTTT	3360
	TACAAACTTG	TAGCAACAAT	TTTTCATCAA	GCAACTGAAT	CACATCAAAA	ACTTCAATTG	3420
55							

	GTGCAAGAT GCTTCCTGTA ATTATCAAGT GCCATTTTCG ATTGGGTTAT ACAATCTAGA	3540
	ATCGCATGAT AATTTAATGC TACAAATCGA TAGTACAATA TATCTACCGT GAATAACTGT	3600
5	GCAAATAGTG ACGTTGTAGC CGCCATACGC ATTTTCATTTT CATCAGTTCT GCCATAAATC	3660
	AATGCATAGT CTGCAATTTG AGCCACTGGA TTATTAGCTG TACTAGATAT AGTTATGATG	3720
	GGAATACTGT AATGTGTGGC CACCTGTGCA ATTGACTGCA ATTCACTATG ACTACCTTGA	3780
10	TTCGTCACAA AAATCATGCA ATCTCTATCA TCATGCGTCG CAAATGTTGA CACAAGTAAA	3840
	TGCGTTTCAT GTAATAACCT GACATTTAAG CCAATACGAG ATAACCTTTG AAAAAGATCA	3900
15	CCAATAGTCA AACTCGATGC GCCAAATCCA AATAAAAATA TTGTCCTGGC ATTTTTC AAC	3960
	ACATCACAAA TTGCATCAAT TTGCGCATCC ATAATATTAG TAGCTACAAA TCGCATCGTA	4020
	TTCGTTGCTC TAGCAATCAT TTTATTTTTC AAAGTTTCTA CAGATTCATT TTCAATCAAT	4080
20	TCTAAATGTG GATTGGTTGC AATATCTTCG GGTAAGTATC GAGATATCGC AATCTTTAGC	4140
	TCTTGAAAAC CTTGATGTGT CATTTTCCGA CTAAATCTAA CAATTGATGC TGTACTAACA	4200
	TTCGTAACAT CTGCCAAATC ATTCACAGTC ATATCAATGA TTTTATGTGG ATTCTTTAAA	4260
25	ATGTAATCAG CGATTATCTT TTCTGTCTTC GTAAAATCAC TCAACTGCTT ATCAATGCCA	4320
	TATAAAATAT TTGTCATCAT TAATCACCCA ACAAATCTGT CTGTCGCATC GCCTTTGTCTG	4380
	TTCCAAATAA ATATGTACAA ACGAATCCAC CAGCATACGC AGCAAGTAAT CCTGCAATAT	4440
30	AACCTAAATA CATATTATCT GAGATTAATG GTAATAGTGA CACACCACTT GGGCCTATTG	4500
	CTTTGGCACC AATATGTCCA ATTCCACCTA TTACAGCGCC ACCAATACCA CCACCAATAC	4560
35	AAGCAGTTAA GAAAGGTCGA CCTAATGGCA AAGTCACACC ATAGATTAAT GGTTCTCCGA	4620
	TACCTAGGAA ACCAACTGGC AATGCACCTT TTAAAGTATT ACGTAATGTT GTGTTGCGTT	4680
	TACATCTTAC CCAAAGTGCT AATGCGGCAC CTACTTGTC AGCACCAGCC ATCGCTGCAA	4740
40	TTGGCAATAA GTAAGTAGCA CCTGATTGGT TAATCATTTT TATATGAATT GCGTAAAAA	4800
	TATGATGAAG CCCTAACATA ACTAACGGTA GGAAGCTTGC ACCAATGATA AATCCACTAA	4860
	ATACGCCACC AATACTAATA ATTCCGTTAA CTACTGAAAC TAACTGTCT GAAACAAAAC	4920
45	CTGCTAATGG CATAAAGATA AAGATAGTTA ATAGTCTTAC AATCAACAAT GCAATAGTCG	4980
	GCGTTACAAT AATATCAATC GCATTTGGCA CAATTTTATG TAATCTCTTT TCGACAATAC	5040
	TTAAAATCCA AACGGCAAAA ATAACGCCAA TAATCCCACC TTGTCCAGGT TGCAATGGTT	5100
50	CTCCAGTGAA GACATTCATT AAAATATTTT TACCAGCAAT ACCCGTTAAT AACGTTGTAC	5160
	CACCAATCAC GCCACCAAGT CCTGGTGTCTG CACCAAATTC TTTAGCCGCA TTAATACCAG	5220
55		

	GCGTAATCCA AGCACCTGAA ATATAGCCTG CCACCATTAA GTTACTCAGT ACTGCTGCAA	5340
	TACCACCAAT TAATCCAGCT CCAATAAATG CAGGAATCAA CGGTATAAAG ATATTGGCAA	5400
5	TTGATTTCOA TACTTTATTC AACTTACCAT TCTTTTGTT TGCTTTATGC GCTTCCTTAT	5460
	TCGCCTTTGC TTTATCAGCT GCATATGATT TATAGTCCAT TTTTTCATA TCATTGTGAT	5520
	GGTGTGGTAT TGGGTCACCT AGTTTAACAC CACTTAATTC CGCCATATGA TTAGCCACTT	5580
10	TATTGatGTA CCAGGTCCAA CCACAACCTG AATGCGTTCA TCGTGTATAA CACCCATGAC	5640
	ACCATCAATA TGCCTTAGTT CTTGGTCATC TACTTTATTC TCATCTAATA CTTTAATACG	5700
	CACACGTGTC ATACAGTTCA TGACACTATC TATATTATCC ATACCACCTA CTGCAGCAAT	5760
15	AATTCGTTCT GCAAGTTGTT GTTCTTTGGT CATTTAAATC CCTCCTAAGG TTGTCTATCT	5820
	CTGATTGCTC GTTTAAaATG TCACCATTGT TTAATAACCG TCTTGTTGCT TCTTCCTTAG	5880
20	AAATGCCACA CATACCCATA ACTGTCGCAA CTTTCACATC ATGCTCAGAT ACCTGATATA	5940
	ACGCCATTGC TTCATCATAT GTGATAGCAC ATATTCTTG AATAATACGC ACTGAACGGT	6000
	CGATCAGTTT TTGATTGGTT GCTTTAACAT CAATCATGAG GTTATCGTAA ACTTTTCCGA	6060
25	CACCAACCAT TGTGATGGTT GAAATCATAT TTAaAATTAA CTTTTGTGct GTACCAGACT	6120
	TTAAACGTGT TGAACCAGTT AATACTTCTG GACCAACTTT AACTTCTACT GGATAcTGCG	6180
	CAATTTCACT TATAACTGCA TGTTCAATTGC ATGAAATAGA TACTGTTGTA GCACCGATTG	6240
30	TGTTAGCAAA TGTTAAACCG CCTATAACAT ATGGCGTTTT GCCACTCGCG GCAATTCCTA	6300
	TAACGACATC TTTTGATGTT AAATCTATAT TTTTCAAATC TTCTCCGCT AATTTTTTGT	6360
	GATCTTCCGC ACCTTCTACA GCCATCGTCA TAGCATGTTG TCCACCAGCA ATAATACCTA	6420
35	TAATTTTCATG AGGGTCAGTA TTGAATGTAG GTACACACTC CGCTGCATCT AAGACACCCA	6480
	ACCTTCCACT TGTACCTGCA CCGATATAAA TCAATCGTCC ACCCTTTTTTA TACTGTGCAA	6540
40	TTGTTTTTTT AATTACTTTT GTCAATTGTG GTATTGCCTT TCGAACTGCT AACGGGACTT	6600
	GCTGATCTTC TTTATTCATC GTAATTAAAG CCTCTTCAC AGTCATTTCA TCAAGATGCA	6660
	TCGTCGCTTC ATTACGCGCT TCGGTCGTAC TATTTTCCAT CACTTCTTAC ACTCCCTAGT	6720
45	TTTTTGAAAA TCAATGTAT CATTCGGCTC GATACAACCT AACAGTGGTA AGTCTTCTTT	6780
	AATAATTTGT GCAaCAACAT TCACATTGTC ATGTGCACTA AGCGTTTGTC TCACAATTTG	6840
	CATTTGCGCT TGATAACGTC CGTTATTCAA ATTATCAACG GTTACTGAAC CAATGCGTCG	6900
50	TTGCGTCGTA AACTGTGGTT GAATCGAATG TGGACATATT TGTCTTGACG TTTCCGAACG	6960
	AATGACATTT TCCGGATTAT CCGGGCGTAC TTTATGACAC ATATCGAAAA GGTAAGTCAC	7020
55		

	AAGTTGTTTT GCCTGCCTCA TTTCAATCAA TGAGTCTCCA ACTAACACTT CAGATACACC	7140
	AGTTTCTTGT AATAATTTAG CTGCAACGAC AGGATGACTA TGTCTCGTTG CTTCAATTGT	7200
5	TGGCAAGCCT TTATGCAAAG GACCTCGCAA ATCACTCCCT ACAATAAAAC CATATATTTG	7260
	TGCCTTTGGA TTAAATTGAT AAATGAGTTC ATTTTTCTTA TTGACCAAGT CAACAGATAA	7320
	TCCCGTATCT GGTCTTGGAT AATAGTTATG ACAAATGAA AGTAATGTAA AATCATTCAA	7380
10	TTGTTGATGT AAGCTTGTTA ACAATTCCCG GGAAATAATA CTTGCATTCA AACAGCACTT	7440
	TAAACCCTGT GCCATTATCG CTTGATTGTC CTCAATTGAT GTACTATGAT CGATACGAAT	7500
15	CATAAATTGT GCATCATATT GTCGAAGATG GTCATAAAAA GATGGTGTTA AAATAGATGG	7560
	ATTAGCATCT ATGAGGTAAG TCACTTGTTT ATGTTTTAAT AAATTGAGTA GTTTTGTGAA	7620
	ATAATGATAT TTTGTCTCGT CATCTTCTTC TGGTATTGT ACAGATGTAA AAATCATTTG	7680
20	GTAACCTTGT TTAATCATTC GCTTAATATA CGCTTCATCT AAAGGTTGTC CTAAATACAC	7740
	TGAAAAGCCT GTCAAAGTAG CCCTCCTTAA CAATATAATT ATTAGGAAAA TATAGTTGAT	7800
	TTGTGTAATC GCTTACATTT TACTATAAGA GAAACACAT TACAATATTA ATCAGTTAAA	7860
25	GCCTGTTTCA TGTAATAATC TTACATATTT CTGTCACAAG TTAATTATTA CACCATCAAA	7920
	GATTATCCTT TCTTTTAAGT GCTGATAATA GCTGCTACTG CTGGATTATT ACAATAACTT	7980
	TTATACATTT TATTCAGGAT TATCTTATAT TATGTTTTAA TAATAATCTG TGAACAATTA	8040
30	AGAGATTGTA AATTGAATTT AATAATTGTA TTGAAAACGC ATACTTCACC ATGCTAAAAT	8100
	AGGAGTCGCA AACAAATAAG ATTCAATAAG ATGTGATGGT TACCAACACA GTCTATTTGC	8160
35	TCGTGTCTTT TTTTATTGAA TCTTAAATAA TAAATACAAC TTTGGAGGTT GGACAAGTGA	8220
	GGAAGAAACT TTTCGGTCAA TTGCAACGTA TTGGTAAAGC GCTAATGTGA CCTGTTGCGA	8280
	TTTTACCAGC AGCTGGTCTG TTATTAGCTA TCGGTACAGC TATGCAAGGT GAATCATTAC	8340
40	AACACTACTT GCCGTTTATA CAAAATGGTG GCGTACAAAC TGTCGCTAAA TTAATGACAG	8400
	GTGCTGGTGG TATCATTTTT GATAACTTGC CTATGATTTT CGCATTAGGT GTCGCAATCG	8460
	GATTAGCTGG CGGTGATGGC GTAgCAGCTA TCGCAGCATT CGTCGGTTAC ATAATCATGA	8520
45	ACAAAACAAT GGGCGACTTT TTACAAGTTA CACCTAAGAA TATTGGTGAT CCAGCGAGTG	8580
	GTTACGCTAG CATTTTAGGT ATCCCAACAT TACAAACAGG TGTGTTTCGGC GGTATTATAA	8640
	TCGGGGCCCT GGCAGCTTGG TGTTATAACA AGTTCTATAA CATTAACTTA CCATCTTATT	8700
50	TAGGTTTCTT CGCTGGTAAG CGTTTCGTAC CTATTATGAT GGCTACAACA TCATTTATTT	8760
	TAGCATTCCC AATGGCATT AATTGGCCAA CGATTCAATC AGGATTAAAT GCATTCAGTA	8820
55		

	TATTAATTCC ATTCGGTCTA CATCACATTT TCCACGCACC GTTCTGGTTC GAGTTTGGTT	8940
	CATGGAAAAA TGCAGCTGGT GAAATTATTC ACGGTGACCA ACGTATCTTT ATCGAACAAA	9000
5	TTCGTGAAGG CGCACATTTG ACAGCTGGTA AATTCATGCA AGGTGAATTC CCTGTTATGA	9060
	TGTTCCGTTT ACCTGCAGCA GCTTTAGCAA TTTATCACAC AGCTAAACCT GAAAATAAGA	9120
	AAGTAGTAGC AGGTTTAATG GGTCTGCTG CTTTAACATC ATTCTTAACT GGTATTACAG	9180
10	AACCATTAGA ATTCTCATTC TTATTTGTAG CACCATTATT ATTCTTTATT CACGCaGTAC	9240
	TTGATGGTTT ATCATTCTTA ACATTGTACT TATTAGATCT TCATCTAGGT TATACATTCT	9300
15	CAGGTGGTTT CATCGACTAC TTCTTACTCG GTATACTACC TAATAAGACA CAATGGTGGT	9360
	TAGTCATTCC TGTAGGTCTT GTATACGCAG TTATTTACTA CTTCGTATTC CGATTCTTAA	9420
	TTGTAATAAT AAAATACAAA ACACCAGGTC GTGAAGATAA ACAATCACAA GCGGCTACTG	9480
20	CTTCAGCAAC TGAATTACCA TATGCAGTAT TAGAAGCTAT GGGTGGCAAA GCAAACATTA	9540
	AACATTTAGA CGCTTGATC ACACGTCTAC GTGTTGAAGT TAACGACAAA TCTAAAGTTG	9600
	ATGTTCTCGG TTTGAAAGAT TTAGGCGCAT CTGGTGTATT AGAAGTCGGC AATAATATGC	9660
25	AAGCAATTTT TGGTCCTAAA TCTGACCAAA TCAAACATGA AATGCAACAG ATTATGAATG	9720
	GTCAAGTAGT AGAAAATCCT ACTACTATGG AAGACGATAA AGACGAACT GTTGTGTGTG	9780
	CAGAAGATAA ATCTGCAACA AGCGAATTGA GCCATATCGT GCATGCACCA TTAAGTGGTG	9840
30	AAGTAACACC ATTATCAGAA GTGCCTGATC AAGTGTTCAG CGAAAAAATG ATGGGTGACG	9900
	GTATCGCTAT CAAACCTTCA CAAGGTGAAG TTCGTGCACC ATTCAACGGT AAAGTACAAA	9960
35	TGATTTTCCC AACAAAACAT GCAATTGGTC TTGTATCAGA TAGTGGTTTA GAACTATTAA	10020
	TCCACATCGG TTTAGACACT GTTAAATTAA ACGGAGAAGG CTTTACTTTA CATGTTGAGG	10080
	AAGGTCAAGA AGTTAAACAA GGTGATTTAT TAATCAACTT TGATTTAGAC TACATCCGCA	10140
40	ATCATGCAAA GAGTGATATT ACGCCTATTA TCGTGACACA AGGAAACATT ACAACCTTG	10200
	ATTTTAAACA AGGTGAACAT GGCAACATTT CATTTGGCGA TCAATTATTT GAAGCTAAAT	10260
	AATGCTTACT ATAAACAGGT GCGTATACCT TCATAAGGTG ACGCGCCTGT TTTTCTTTG	10320
45	CTATTGTATT TTGCAGCATC ATTGATAGTT CGCTCTCCCC TTAAATTTTG AATTTTAAGA	10380
	TCATCAATTA AAGCCCCCT TCATACTCAT TTCCTAAAAA ATATTAATTG TTCACTATTG	10440
	TTAGCGTTTT CACAACAAAG TCAACTTCCT TGACCTTACA CTATATTCGA GGCTATCATT	10500
50	TTAAGTGTA ATATAGAGAA AAGGTGGCTT TTTTATGAA ACAACGCATT GGAGCTTACT	10560
	TAATTGACGC TATTCATCGA GCAGGCGTCG ATAAAATTTT TGGTGTTCCT GGTGATTTTA	10620
55		

	ATGAATTAAA CGCAAGTTAC GCAGCGGACG GTTATGCCCG TCTTAATGGA CTCGCTGCAT	10740
	TAGTTACTAC ATTTGGTGTT GGC GAATTAA GTGCCGTCAA CGGTATCGCA GGTTCATATG	10800
5	CTGAACGCAT ACCTGTCATT GCGATTACAG GTGCGCCGAC ACGTGCTGTT GAACAAGGCG	10860
	GTAAATATGT ACATCACTCA CTTGGTGAAG GTACATTTGA CGACTATCGA AAAATGTTTG	10920
	CACATATAAC CGTTGCACAA GGTATATCA CACCTGAAAA TGCAACAACC GAAATACCAC	10980
10	GTTTAATTAA TACAGCAATC GCCGAAAGAC GCCCAGTTCA TTTACATTTA CCAATCGATG	11040
	TCGCAATCTC TGAAATTGAG ATACCGACAC CATTGAGT GACGGCAACT AAATATACGG	11100
15	ATGCATCAAC ATATATAGAG TTATTAGCAA CTAAACTGCA TCAAGCGAAG CAGCCTATCA	11160
	TCATTACTGG ACATGAAATT AACAGTTTTT ACCTCCATCA AGAATTAGAA GATTTTGTA	11220
	ATCAACACA GATACCAGTA GCACAACCTT CATTAGGAAA AGGTGCTTTT AATGAGGAAA	11280
20	ATCCATATTA TATGGGTATT TACGATGGGA AAATTGCCGA AGATAAAATA CGAGATTATG	11340
	TGGACAACAG CGATTTAATT TTAATATTG GAGCCAAATT AACAGATTCA GCAACAGCAG	11400
	GTTTTTCATA CCAATTCAAT ATCGATGATG TCGTTATGTT AAATCATCAC AATATCAAAA	11460
25	TTGACGATGT TACAAATGAT GAAATATCTC TACCATCATT GTTAAACAG TTATCCAATA	11520
	TTTCATATAC GAATAACGCA ACGTTCCCTG CGTATCATCG TCCAACATCA CCCGATTATA	11580
	CTGTTGGCAC AGAACCATTA ACACAACAAA CTTATTTTAA AATGATGCAA AATTTCTTAA	11640
30	AACCAAATGA TGTATCATT GCTGATCAAG GTACATCATT CTTTGGTGCT TATGATTTAG	11700
	CATTATACAA AAACAATACT TTTATAGGGC AACCGTTATG GGGTTCTATC GGCTATACAT	11760
35	TACCTGCAAC ATTAGGTTCA CAATTAGCAG ACAAAGATCG TCGTAACTTA TTATTAATTG	11820
	GTGATGGCTC ATTGCAACTA ACTGTTCAAG CTATTTCAAC TATGATTAGA CAGCATATTA	11880
	AACCGGTATT ATTTGTGATT AATAATGACG GCTATACGGT AGAACGACTT ATTCACGGCA	11940
40	TGTATGAACC TTATAATGAA ATTCACATGT GGGATTATAA AGCTTTACCA GCTGTATTTG	12000
	GTGGTAAAAA TGTGAAATT CATGACGTTG AATCATCAAA AGATTTACAA GACACGTTTA	12060
	ATGCAATTAA TGGTCATCCC GATGTGATGC ATTTTGTGCG AGTCAAAATG GCTGTGGAAG	12120
45	aCGCACCGAA GAAACTCATC GATATCGCTA AAGCTTTTTT ACAACAAAAT AAATAATTTT	12180
	ATCGTATACA GGTATAAGT TTAAGCGAAT ACTTTATTAA ACGAATAGGA CTCTGATATA	12240
	AGATGATTAA TTTTAATAAA ACCGCTTTAG TGTTAATCGA CCTGCAAGAA GGTATTCTTA	12300
50	AAATGGATTA TGCCCCATAT ACAGCTGAAA ATGTCGTTCA AAACGCTAAT AAATTAATAG	12360
	ATGTTTTTAG AAAAAACAAT GGCTTTATCG CTTTGTTCG CGTGAATTTT TATGATGGTA	12420

55

AGTCGTTTCC ATCATTATT AGACAAGAGA GATGACGATT TTGTCATAGA CAAACGACAT 12540
 TTTAGTGCAT TTGTAGGAAC AGATTGGAC TTACAATTGC GACGTCGAGG AATTGATACG 12600
 5 ATTGTTCTTG GTGGTGTGCG AACGCATATT GGCCTAGATA CGACAGCGCG AGATGCCTAT 12660
 CAATTAACT ACAATCAGTT TTTGTTTACA GATATGATGA GTGCACAAA CGAAACGCTA 12720
 CATCAATTC CAATAGATAA TGTATTCCCA TTGATGGGAC AAACAATAAC TACAAACGAC 12780
 10 TTTCTAAATA TATTGAACTA AACATATACT TCCCCCTTC GATCATGTTG AGGGGGATCT 12840
 TTATTTTACA AAGTATTAAT ACGTCGGGTT GTCTAACCTT CTATATTTAA CATATTCTAT 12900
 ATCTGTAA A TCGTTCTTAA CTTACGCCCC TACTACATAA AAAACAGTAT TTATTCCGGA 12960
 15 ATTTTCAAAA AATTTAGTAT TTATTGCAA ATTATGTATC ACTTTATGTT TAATTTTGA 13020
 TATTATCTTA ATTAAGTAGA TTTTATAAG TTCTAAAAAG GAGAACAAAT ACATATATGA 13080
 20 AGAAGAACT AACATTTAA GAAACATGT TTATAGGTTT TATGTTATTT GGTATTATCT 13140
 TTGGTGCCGG CAATCTTATC TCCCAATAC ACTTGGGTCA AGCTGCTGGT TCTAACGTTT 13200
 TTATCGCTAA CTTAGGATTT TTAATTACAG CAATTGGCTT ACCATTTCTA GGTATCATTG 13260
 25 CTATTGGCAT TTCAAAGACA TCTGGTTTAT TTGAAATTGC ATCGCGTGT TATAAAACAT 13320
 ATGCTTACAT TTTCACGATT GCCTTATATC TAGTTATCGG ACCATTTTTC GCCTTACCTA 13380
 GACTGGCAAC GACATCATTT GAAATTGCAT TTTCGCCATT TTTATCACCA AAGCAAATCA 13440
 30 CTTTATATTT ATTTATTTTT AGCTTCGTCT TCTTTGTGAT TGCATGGTTT TTGCGAGAA 13500
 AGCCATCAAG AATTTTAGAA TATATCGGTA AATTTTAA TCCGGTATTC TTAGTATTAT 13560
 TAGCAATTAT TTTATTTTT GCTTTTATCC ATCCATTAGG TGGCATATCT GATGCACCTA 13620
 35 TTAGTAAACA ATATCAATCA CATGCCTTAT TTAACGGCTT TTAGATGGA TACAATACCT 13680
 TAGATGCGCT AGCGTCATTG GCATTTGGTA TTATCATTGT TGCAACGATT AAAAAGTTAG 13740
 GTATCGAAAA TCCAACGAT ATCGCTAAAG AAACAATTAA GTCTGGTACT ATCAGTATCA 13800
 40 TTATGATGGG GATCATTTAT ACCCTACTAG CAATCATGGG TACATTAAGT ATTGGTCATT 13860
 TCAAACTTAG TGAAAATGGT GGTATTGCCT TAGCGCAAT TACTCAATAC TACTTAGGTA 13920
 45 ACTACGGTAT CGTCCTGTTG TCACTTATCG TTATGGTTGC TTGTTTAAA ACAGCCATCG 13980
 GTTTGATTAC GGCATTTTCA GAAACATTCG AACACCTTTT CCCTAAAATG AATTACCTAG 14040
 CGATTGCAAC AGTTGTAAGC TTTATTTTCT TCTTATTCGC GAATGTTGGT TTAATAAGA 14100
 50 TTATTATGTA CTCAGTCCCA GTGTAAATGT TCTTATATCC ATTAGCAATT GCCTTGATTG 14160
 TACTAACATT ATTTAGTAGC AAATTCATC ATTCAAAAT TATTTATCAA TGTACCATT 14220

55

	GCACATCATT CTCACAAACT TTGATTAATT TCAGCCAAAA ATATTTACCA TTATCAGACA	14340
	TTGGTATGGG CTGGGTTGTT CTCAGTTTGA TTGGTTTCAT TATCGGCTTC ATTATTTATA	14400
5	AAATTAAGCA TCGTAAAATT CCACAAGCAT AATACTATGC CACAGTCATA TGTAAACAT	14460
	ATGCTTGTGG CATTTTTTAT TCATACTACA TTAACTGCA ATCGTATACA TACATATCAA	14520
	TGATTATCCA CAAAAAATAT TAGTACTTTC ATTTTACAAA TCACATTAAT ACAAACACAA	14580
10	CCTTATCTTT ATATTATTAA ATTTATATTT GACACTTATA TTGAACAACT GTAATATATT	14640
	AATATTAAAT CTTTAAAATG TATAAATATA AAGGAGGGAG ACCGATGaAT TCAATCATTG	14700
15	aATTAAGTGA TTATTATAGC TCTAATAATT ATGCACCACT TAAGCTTGTC ATTTCTAAAG	14760
	GTAAGGTGT CAAAGTTTGG GATACTGATG GCAAACAATA TATAGATTGC ATTTCTGGGT	14820
	TTTCAGTTGC AAACCAAGGC CATTGTCATC CAACAATTGT TAAAGCGATG ACAGAACAAG	14880
20	CTTCAAAGTT GTCTATCATT TCACGTGTCC TTTATAGTGA CAATCTCGGG AAATGGGAAG	14940
	AAAAAATTG TCATCTTGCT AAGAAAGACA AAGTACTCCC CCTTAACTCT GGTACTGAAG	15000
	CTGTTGAAGC AGCCATTAAA ATTGCTAGAA AATGGGGCTC TGAAGTTAAA GGCATTACTG	15060
25	ACGGACAAGT TGAAATCATC GCTATGAATA ACAATTTTCA CGGTCGTACA CTTGGCTCAT	15120
	TATCACTATC TAACCACGAC GCATATAAAG CAGGATTTCA CCCCTACTT CAAGGCACTA	15180
	CAACAGTAGA TTTTGGAGAC ATTGAACAAT TAACACAAGC TATTTACCG AATACAGCAG	15240
30	CAATTATTTT GGAACCAATT CAAGGTGAAG GTGGCGTTAA TATACCACCG AAAGGATATA	15300
	TTCAAGCTGT GCGTCAACTA TGTGATAAAC ATCAAATATT ATTGATTGCA GATGAAATTC	15360
	AAGTTGGTCT TGGTAGAACT GGGAAATGGT TTGCTATGGa ATGGGAGCAA GTCGTTCCAG	15420
35	ACATTTATAT TTTAGGTAAG GCATTGGGTG GCGGCTTATA CCCTGTATCT GCTGTACTTG	15480
	CAAATAATGA TGTCATGCGT GTTCTAACAC CAGGTACACA TGGTTCAACA TTTGGTGGTA	15540
40	ACCCTTTAGC CATTGCAATA TCGACGGCAG CGCTTGATGT ACTTAAAGAT GAACAACTGG	15600
	TTGAACGATC AGAACGCTTA GGTTCATTTT TATTAAAAGC GTTGCTACAA CTTAAACATC	15660
	CTAGTATTAA AGAAATTAGA GGTCGTGGTT TATTTATAGG CATAGAGCTT AACACAGATG	15720
45	CTGCACCTTT TGTGGATCAA CTGATTCAAC GTGGAATCTT ATGCAAAGAC ACGCATCGTA	15780
	CTATCATTCG ATTGTCTCCA CCTCTAGTCA TTGATAAAGA GGAAATCCAT CAAATTGTTG	15840
	CAGCTTTTCA AGACGTTTTT AAAAATTAAC AATTAATCAT TTATATATGA CATAGGAGGG	15900
50	ATTCATGATG ATTAAAGTAG GTATCGTTGG CGGTAgcGGT TATGGCGCAA TTGAATTAAT	15960
	TCGATTGTTA CAAACACATC CTCATGTAAC GATTGCACAC ATCTACTCAC ATTCAAAAGT	16020

55

	ACTTACAGTG GaTAATAATG ACTGTGATGT AATTTTCTTT GCGACACCAG CACCCGTAAG	16140
	TAAACATGT ATCCCTCCCT TAGTAGAAAA AGGTATTCAT GTTATCGATT TATCTGGCGC	16200
5	ATTTAGAATT AAGAATCGTG AAATATATGA AGCATATTAC AAAGAACTG CTGCAGCACA	16260
	AGATGATTG AATCATGCTA TTTACAGCAT TTCAGAATGG CAATCGTTTG ATAACAATGG	16320
	AACGAAGCTC ATTTCTAATC CTGGCTGTTT CCCTACAGCA ACATTATTAG CATTACATCC	16380
10	ACTTATTAGC GAAAAAATAG TAGATTTGTC ATCTATTATT ATTGATGCTA AGACCGGCGT	16440
	GTCAGGTGCT GGTGTTTCAT TATCACAACG gTtCATTtTTT CAGAAATGAA TGAAAACTA	16500
	AGCGCTTATG CAATCGGAAA CCATAAACAC AAACCGGAAA TCGAGCAATA TTTATCTATC	16560
15	ATTGCGGGTC AAGATGTATC AGTCATATTT ACACCACATC TCGTACCAAT GACACGAGGT	16620
	ATTTTATCAA CAATATATGT CAAATTATCA TCTGAATATA CGACTGAATC ATTACATAAA	16680
20	TTAATGACCT CTTATTATGC TAATCAGCCA TTGTGAGAA TTAGAGATAT TGGGACTTTT	16740
	CCAACCACAA AAGAAGTACT CGGTAGTAAC TACTGCGATA TCGGCATCTA TGTAGATGAA	16800
	ACAACGCAAA CAGCAATTTT AGTATCAGTG ATTGATAACC TTGTCAAAGG CGCAAGTGGG	16860
25	CAAGCCATTC AAAATTTAAA TATATTATAT GATTTTGAAG TGACGACTGG CCTAAATCAA	16920
	TCACCAGTTT ATCCATAAGG GGTGTTAGAA TGAAACATCA AGAAACGACA TCACAACAAT	16980
	ATAACTTTTC AATTATTAAA CATGGCGATA TCAGTACACC TCAAGGCTTC ACGGCTGGTG	17040
30	GTATGCACAT CGGTTTACGC GCTAACAAAA AAGACTTTGG GTGGATTTAC TCATCGTCTT	17100
	TGGCAAGTGC AGCTGCCGTA TATACTTTAA ATCAGTTTAA AGCTGCACCA CTTATTGTCA	17160
	CTGAAGACAC TTTACAAAAG TCTAAAGGAA AATTACAAGC ACTTGTTGTT AATTCAGCTA	17220
35	ATGCAAATTC TTGTACCGGT CAACAAGGCA TAGATGATGC ACGACAAACA CAAACATGGG	17280
	TTGCTCAACA ACTTCAAATA CCATCTGAGC ATGTTGCTGT TGCTTCAACT GGGGTCATTG	17340
40	GTGAATATTT GCCTATGGAT AAAATTAAGA CTGGGACCGA ACATATTAAG GATGCTAATT	17400
	TTGCAACGCC AGGTGCGTTT AACGAGGCAA TTTTAACAAC TGATACCTGT ACAAACATA	17460
	TCGCTGTATC ACTAAAAATC GATGGTAAAA CCGTTACAAT TGGTGGTAGC ACCAAAGGTT	17520
45	CAGGTATGAT TCACCCAAAT ATGGCTACCA TGCTTGCTTT TATAACAACC GATGCATCGA	17580
	TTGAATCGAA TACACTTCAT CAATTATTAA AATCTTCGAC TGACCATACA TTTAATATGA	17640
	TTACTGTTGA TGGCGATACA AGTACAAATG ACATGGTATT AGTCATGGCA AATCACCAAG	17700
50	TTGAACACCA AATACTTAGT CAAGACCATC CACAATGGGA AACATTTGTT GATGCATTCA	17760
	ATTTTGTCTG TACATTTTTA GCTAAAGCTA TAGCCAGAGA TGGCGAAGGC GCAACAAAGT	17820

55

	CTATCGTAAG TTCAAATCTA GTAAAATCAG CTATTTTGG CGAAGATGCC AATTTTGGTC	17940
	GAATCATTAC AGCTATTGGC TACAGCGGAT GTGAAATTGA TCCTAACTGC ACATATGTTC	18000
5	AACTGAACCA AATACCTGTC GTTGATAAAG GTATGGCTGT ACTATTTGAT GAGCAAGCTA	18060
	TGTCGAATAC ATTAACCTCAT GAAAATGTCA CAATTGACGT TCAGCTTGGT TTAGGTAACG	18120
	CTGCAGCGAC TGCATACGGT TGTGATTAT CCTATGATTA TGTGCGTATC AACGCATCAT	18180
10	ATCGAACATA AGGTGGTGT TGGTTAGATGA AATTTATTGT CATTAAAATT GGTGGCAGTA	18240
	CACTTAGTGA CATGCATCCA TCAATTATTA ACAACATTAA GCATTTACGA TCAAACAACA	18300
	TCTACCCCAT TATCGTTCAT GGCGGTGGCC CATTATTAA TGAAGCATT TCAAACCAGC	18360
15	AAATCGAGCC ACACCTTGT AATGGCCTAA GAGTGACTGA TAAAGCAACC ATGACCATT	18420
	CTAAACACAC GCTCATTGCA GACGTTAACA CTGCATTAGT AGCTCAATTT AACCAGCACC	18480
20	AATGTTCTGC AATAGGCTTA TGTGGTTTGG ATGCACAGCT GTTTGAAATT ACATCTTTTG	18540
	ATCAACAATA TGGATATGTC GGTGTTCCGA CCGCTTAAA TAAGGATGCT TTACAGTATT	18600
	TATGTACTAA ATTTGTACCT ATCATCAATT CGATTGGTTT CAATAACCAT GATGGAGAAT	18660
25	TTTACAATAT TAATGCTGAC ACGCTTGCCT ATTTTATTGC ATCATCATT AAAGCGCCTA	18720
	TTTATGTATT AAGTAATATT GCAGGTGTAC TCATCAATGA TGTGTTATA CCTCAATTGC	18780
	CATTAGTCGA TATTCATCAA TATATTGAAC ATGGTGATAT TTATGGAGGT ATGATTCCCA	18840
30	AAGTGCTAGA TGCCAAAAAT GCGATTGAAA ATGGCTGTCC TAAAGTTATC ATTGCATCAG	18900
	GAAACAAGCC AAATATCATT GAATCTATTT ACAATAATGA TTTTGTGGC ACAACAATCC	18960
	TTAATTCATA ACTATGAAAT TAAGGCCTAA CAAGTTTGA CACGCGAGAT GATTCCAGTT	19020
35	CGATTATCCA TTGCGCTAAA ACATTTATTT ACCGTTTCATC TCGTTAACAA TTTTGAATAC	19080
	AGTACGATAC AATATGAGAT GTAAAAAACT AATAACCTTT TACAAATTTG TTTATCAAAA	19140
40	TATTTTAAGT TTGCAAAGC TTTTATTGT GATTATTTTC ACAAATACT ATAATGAGGA	19200
	TAGTAAATAG AGAGGAGTCC TTAAGTTGAC GAAACGACAA ATGGGTATAT TCATTTATGC	19260
	TGGAATTATC GGTGGCTTGT TATCTGGAAT TGTAATAA TGGTTGGAGG TCATGTTTCC	19320
45	ACCTCGCACA CCAGAACGTA ATGCAACGAA CCCACCTCAA GAGTTATTGC AACAATTAGG	19380
	ATTTAGTAGT GAGTTTACGC ATCAAACATA TACATTTTCA AATATGGAAT TGCCTTGGGT	19440
	AAGCTTTATT GTCCACTTTA GTTTTCTAT CGTCATTGCA ATTATTTACT GCATATTAGT	19500
50	TAAAAAATAC GCTTACTTAG CAATGGGACA AGGTGCTGTT TTTGGTATTG CTATTTGGGT	19560
	ATTATTCAC CTTATCATT TGCCAATCAT GCATACTGTA CCTGCTGTGT GGGATCAACC	19620
55		

	AGTGCGACAA CATTGTGTCT ATCGCTATAA ATTAAATTAA TACTGACT AACATTAACG	19740
	TGAGTTTCAA ATCATCGTTT GAGTATGATG ATTGATGCTC ACGTTATTTT ATTAAGTGAC	19800
5	ATGATATGAT TCCAGCCAAC TTACGTGAGC ATTAAAGTCT CAAATGCGTC GTAACAACT	19860
	ATTATTTTCG GTAATTTCAA TATTGCTCAG TATATTTTTC CTTATCACT TACTTTAATC	19920
	TCGTCATGAT TTTGAATGAT GCCATCGTGT ATTCACCTTT CATTTTTCCA ATAAAAAAC	19980
10	ATCTAACAGT AAACATTTAG GCAGTATAGT TTAAATCAC TCGCAATGA TACTGTCAGA	20040
	CGTCATATTA ACTACTCAAT AACTGAAATA CAGACACTTT TTTATAACCC CAGGGTGCCT	20100
	GTCCTAAGAA ACATACCTGT ACCATAAACT GATCAAAAAT AAATTGTTTG AACTTCACTT	20160
15	CACGTGATTG ATAAAAGTGT GATTGTGTCA TATCATAAAT GTCCAATCCT TTGATTAAAC	20220
	CTTCACCAAT CAATTTTGTA AAACCTTCTT TTTGTGTCCA TATTGATAA AAATCATTTA	20280
20	AACTACATAT TTGATGTGCT TCGTTTGTAG AGAAACACGT CACTAACGTA CGCCAGTCTA	20340
	AACGTTGTGA TATCTTTTCG ATATCAATAC CACTGGTTC TTTATCGACA ACACACACGA	20400
	TATAAGGATA ACTATATGAT AAGCTCACAT AGATGGGCTG TCCATCACGA TTGTGTTGAA	20460
25	CAATATCTGC CTTACCTCGT GCGGAAATGT GATAATGCCA TTCATGTGGT AATAAACCTG	20520
	TGTCATGTTG AATTCCATAT TGCATAAAA TATCTCCCAA TCTGTGCATG AGTTTATCTT	20580
	GATTGTATCT ATAGTTGACT GTACGCGGTT TTTTATATGA CCAACGACTT TGTGATATTA	20640
30	ATTCTTCAAT ACTTTTCAAG TTACTCTGTA ATTGCATTAC AAATACTGTC ATAACCTTCC	20700
	CTACTTACTT ATTGAATATT GTTTTGATAT ATTGTGCCCA ATGATACAGC CAATTGTTAG	20760
	TTATCGTTGG CCATTTTTC A TGATGTGAT TCATTATTTT TAATGTTAAT GTTGATCTA	20820
35	TCATTGCTAG TTGTTGTTCA CGGTCAACAC TAGTTAATCC AATCGTTTCG TACATGTCTT	20880
	GTTTCTGTAA AATTTCATTA AATGATTCAT CGCTGACGAG TTCAATTTCT TTGCGCTTAA	20940
40	CGCATTTCTAA CAAAGATTTT ACCGGCATTT TATTAGGTGA TAGCACATGG TAAATGATTT	21000
	GTGGTGTGTT GACCTGTGCT AATGCGACAA TTTGTCTTGC AGTCGTATCC ACAAAGAAA	21060
	AATCTACAGG CATTTCAGCC ATGCTAACCC CGATACAATC CAGTTGTAAC AAATCATTCA	21120
45	TTACCATGTA AAAACGGTTA GTCTTTATAT TTCTCATATG CCATCTTCCA TTGTAAGGAT	21180
	TCGTCAAATT ACCAACACGT ACAATCCGAC CATCTAAGCC ATTATTTACA GCTTCTAATA	21240
	CTTTTAATTC ACTATAAAAT TTGCTCCGTG TATATGGTGA TGTTAGTAGT TGCCCTTTAT	21300
50	AGACATCCGC TTSTGAAAAT GTCACATCTT CTGTGTCTAT ATCAAAATAA GTTCCACAC	21360
	TTATCGTAGA CACATATATT AACCTTGCAT GATGTTGTTG TGCCAAACGT ATGACATCAA	21420

55

	CACCTGCATG AATAATCGTA TCCATGTTTT CTGGTAAAAC AACATCATCC ATACACTCGA	21540
	AATCACCAAC AATGACTTCA ATGTTTGATA ACATTATTTC AACCGTCTCT TCTGAAAAAT	21600
5	AATCATTTAA ATTGTCATC AACTTATACC ATGCTATTTC CTCATTATCA GCACGTATGA	21660
	AACAATAAAT GCGATGACTG TATCCTTGTA GTACTTCAAT CAGATAAGCA CCTAAAAAC	21720
	CTGTGCGGCC AGTCAATAGT GTATTTCCCTA GAGGTCGATG ACTTAGACTA TCCTCTAAAA	21780
10	TACCCAAGTT ATAACGAGAC ATAACAATCT TTTGTAATTTC CGAAAGATTA TCCGGTAATG	21840
	CAACTAATGA TTGTTGATTT TGGTACATAT AATTAAACAAT CTGTGCGACG GTTTTATATT	21900
	GGTATAATGT CTGCATTGAA ATATGATGGC CAAATCGTTT TAAATGCGAG ACAACTAACA	21960
15	TCGCCTCTAA TGAGTTACCA CCAAGTTCAA AGAAATCATC GTCAACACCG ACATCATTTT	22020
	GTTTCAATAC CTCTCCAAAT ACATCAACAA ATGTCTGCTC AATTTTCATTA GAGGGTTCGC	22080
20	TATACACTTT ATTAGACTGT TGTATAGGTG ATGGATTGG CAAACGCGTA GTATCCACCT	22140
	TGTCATTTCG GGTAAATGGC ATACAATCGA TATGCGTTAT AGTCTTAGGA ATCATATACT	22200
	TAGGCAGCTG ATCATTTAAA TATTGCTTCA AATCCTGTTT CACTTGTTGC TCTCCGACAT	22260
25	AATAAGCATT CAATATATCA TGCATATCAA AGTGAATTAC TGTTACAACA CAATCAGATA	22320
	TACCACGAAT AGCTAATATT GCATTTTCAA TTTTCATCAAG TTCAATACGG TACCCGTTAA	22380
	CTTTCACTTG TTTATCTATT CTTTCTAAAA ATTCAATTG ACCATCAGAT GTATAACGTG	22440
30	CTAAATCACC ACTATGATAC AACTTTCCTT TACCAAATGG ATTATTTTGC CATTTATCAG	22500
	CCATTAATTC TGGACGATTA ATATATCCTA TCGCTAACT ATCACCTGCA ATACACAAC	22560
	CGCCTGGCAT ACCAATACCG CATAACAAAC CATCTGACAT AATATACACT TGGATGTTAG	22620
35	ATAAGGGTTT GCCAATTGGA ATCGTCTCAG GTATCAAATC ACCACAATGA TGTGACCAAT	22680
	ACGATGTGAT GACTGTTGAC TCAGATGGTC CATAGGCATT GAAATACGTG CCACAATGCT	22740
40	TCTCAATATA TTTAACAAAG GATGCCGTAC TAGTTGCCCC GCCTGTAATC AACTTTTCAA	22800
	TATAAAAGTC TTCCATAACA CTACACATCT GTAACGGAAT CGACGCAACC GTCACACGAT	22860
	GCTTATTAAT GAGTTGTTGT AACTGTTCTG GATTAACACG TTCCTCTCTA TCTGGAATCA	22920
45	CAAGCGTATG ACCATTTAAC AAACAACAAT AAATCTCCAT AACTGATGCA TCAAAAACAA	22980
	TATTTGCATG TTGCAAAAAT ACTTCATTGT CGCCTAATTG CAATTCAGTT GACCATGCAT	23040
	GCACTAAATT CAACAAATTT CGTTGTCGTA TGGCAACCCC TTTAGGCATC CCGGTCGTAC	23100
50	CAGATGTGTA AATAGCATAC ATCTCATTAT CTAACATCGC TGTGTTTCA AGTTGATTGC	23160
	CATGTAAATC ATCATATTGT TCATTTTCCT TTGATTCAAC AAAGCCTTTA GCATTTTCCA	23220

55

	TAGCATCCTC	CAAAATTGCA	CCTTGTGCTT	TATTGCGAAA	ATCAATATCG	ATAGGTATAT	23340
	AAGATGCACC	TACTTTAACT	GTCGCCAACA	TCGCCGCAAT	CATTTCAAAA	CTACGTTCTG	23400
5	TAAACAAGGC	AACCCGTTGA	CCATTGCCCC	CACCATTTGA	TAGGAGCATG	TGCGCAATGG	23460
	CATCCACATA	GTTGCGTAAT	GTTTCATACG	TCATTGTCAA	ATCATTTCATG	ACTAGCGCAA	23520
	CATGATTACC	TTGTCGTGAG	ACAACTTCAT	TAAAGTAACT	TATGATAGAT	TTATTTCCCG	23580
10	GGACATTAAG	CATTGCGATCG	TTAACATGCG	TATTGACCCA	ATTTAGAAGT	TCCTCCGTGC	23640
	CGTTTGGTAT	ATCACAAATT	TGTAGTGTAT	CTTGATGCTT	CAAAATATAA	TCAATCATAA	23700
	TCATACATTG	ATTACCCATG	TGACGAACTG	TTTCTGAGTG	ATATAAATCG	GTATTATACT	23760
15	CGATATTGAT	TGTATAGTCA	TCGCGATCTT	CTTCAATGAT	GAAAGATAAA	TCAAATTTTCG	23820
	CCGTCACCTGA	TTTGGGTTGA	ATGTGTGTTA	ATTTACTATG	CCCAAAATGA	GCATGATTCTG	23880
	TTTCATTGTT	TTGTAGTACT	AACATGACAT	CAAATAATGG	ATTCCGTGAG	GCATCATGTG	23940
20	ATTGATCTAA	GTCATTTACT	AAACATTGCA	ATGGGTATTC	TTGATGCTCG	TATGCCTCCA	24000
	AACTCATTTT	CTTAACCTCT	TGTAAAACT	GTGTCCACAT	TTTATCAGGT	GACGGTTGCC	24060
25	CTCTATATAC	CAACGTATTA	GCAAACATGC	CTAGCATTTG	CTCCGTGCCT	TTATGCATAC	24120
	GCGCACTCAT	CACACTACCG	ACAACAACAT	CATCTTTTCG	AGCATATCTA	CTTAACAACG	24180
	TCATGACCAC	ACTCATAAAG	AACATAAAAT	CAGTAATTTG	ATGCTTTTCT	ACATACTTTT	24240
30	GAAGTAGCTG	TCTCATTTGT	TGATTCATTG	TAAATGACAT	CATTGCTCCA	TTTGTGCTTT	24300
	TAATATTTGG	TCTAACATAG	TCTGTGCGTA	AGCTTAAAT	AGGTAATTCA	TCTTTGAATT	24360
	GAGATAACCA	ATATTGTCTA	TGTTTCGTCA	TATCACGATG	CGACATCCAC	TCACTATAGT	24420
35	CTTTATATTG	CAATTTAAGT	GGTAACAATA	ATTTATGTTG	ATAAAGTGCG	TTAAGATCAT	24480
	TCATTAAATTG	TATATTACTC	ATACCGTCAT	TAATGATATG	ATGCGTATCT	ATAAAGAGGT	24540
	ATGCATGTAA	GGGACTTCTA	ATGTATCTCA	CTCTAATTTG	ACTTGGCTTT	TCCAAATTAA	24600
40	AAGGTGCTAC	AAATTGGCGC	ATGATTTCTT	GTTTCATCCGT	AAAATGCGTG	TTAACTTCTT	24660
	CAAAGTCAAC	TGCAACATCT	GCCACAATAC	GTTGTGCAAC	CTCATCATCT	ACAACAATAT	24720
45	ATTGTGTTTCG	TAAAATCTCA	TGTCGCGCTA	TCAAACGCTG	CACTGCTTGT	CGCAATTGAG	24780
	CTACATTAAG	TTCTGATGAT	AACCGCCATA	AAAAAGGTAC	GTTATACACC	GTATCTTTAT	24840
	GGTTTGATTT	CCATAATAAA	TACATACGCT	TTTGTGCAGA	GCTCAGCACA	TAATCATCTT	24900
50	TAACATATAGT	TTCTGGAATC	ACTTCATAGT	TTTGTTCCTG	AACCTTAGCA	ATCGCTTGTG	24960
	CTAGTTCAAA	TACAGTTGGC	TTTTGTAATA	AATCACCAAT	TTGTAATCGT	TTCCCAGTAG	25020

55

	AATTATCATG AATACCTACT TGATTCACAT GTAAATATC TGCAAAAATT TGGCATAGCA	25140
	AGTGTTCGGT ATCTGTACTC GGTGCTACAT AGGCATCCGT ATCGACATAG TCCATGATAG	25200
5	GCAATGCCTT CTTATCTAAT TTCCCATTA TAGTAATAGG AATTTGCTCA ATATGCATGA	25260
	AATTAAGTGG TATCATGTAC TCCGGTAAGG TCATACGTAA TTGTGATTGA ATCTTATTAT	25320
	GTGATAATGT ATGCATCGCT TCATAATAAG CAACGATATA CTGATCTTGA TCATGATTTT	25380
10	GAACAATAAC AACTGCTTTA TTAATACCTT GTATACGCTC GAGCGCATGC TCAACCTCTG	25440
	ACAACTCAAT CCTAAACCCT CGAATCTTAA CTTGTTTGTG CTTTCGATAT AAATAATCTA	25500
15	TGTTGCCATC GGGTAACAAA CGAACGATAT CACCACTTCT ATACATCAGC TGAATTATAT	25560
	TTGAATCTTT GATAAATTTA TCTGCTGTCA ATTCTGGCTG ATTTAAATAA CCTGCAGCTA	25620
	ACCCAAAGCC ACTTGATCAT AATTCTCCAG GAATACCAAC GCCACACCGA CGCTCGCCTT	25680
20	GCATGATATA AACATGAGTA CCCAGAATCG GTTTACCAAT AGGAATACGA TTTGGAAGTT	25740
	TGTTAGGTAT ATTATACGTC GTTGTAATG TTGTATTTTC AGTTGGTCCA TAACCATTAA	25800
	TAATTTGAGG ATGCTTCGGT TTTTGATTAA GCAAATCCAC CCACTTAGCA TTCAATACTT	25860
25	CTCCACCAAT TAATAAATAC TTAAACGGTA CCAATACTTC TATTCGTTCA CTAGCAATCT	25920
	GATTAAATAA TGAGGAGGTT AACCACATAG TATTAACGTC ATTTTCATTG ATTAATTGTT	25980
	CTACCGCTAT TGGATTTAAT AATTGTTCTT TTTTAGCAAC AATCAGCTTT CCACCATTGA	26040
30	GCAATGCACC ATATATTTCA AATGTTGCAG CATCAAAGGC TATAGTTCCT GATAACAAAA	26100
	TCGTCGTCTC TTCATTTAAT GGTACATAAT GATTTTGATG GACCAAGCGA ACAATACCTC	26160
	GGTGCGGAAT TAGTGTCCTT TTAGGGTTAC CAGTTGTCCC CGACGTGTAA ATAACATAAG	26220
35	CATGATCTTC TAACGTGTTA CATTTAGAAA GATTATCAAT ATTTTCCAC GCTATCTTAT	26280
	TCAAATCAAT GTGATTAATA TTTTGTTTAC CATTTTCATA TAAAGCTTGG TACGTTATTA	26340
	CAACTTTAGG CGTTACATCT TTAAATATGT ACTCCTGACG ATCACTTGGG TAGTTCGGAT	26400
40	CAATTGGCAC GTAAGCCCCA CCAGCTTTCA ACACACCTAT CATCGCTATT ATCATCTCAA	26460
	TACTTTTTTC AGCTATGACA GCGACACGAT CATTAGGTTT AACACCATAC TGGTTTCTCA	26520
45	AACGGTGTGC TAAATCATTC GCGCGTGCAT TCAATGTTTG ATATGTTATA AACACTCCGT	26580
	CAAATTGCAC AGCGACATGA TTCGGCGTTG CTTCAACTTG TTGCTCAAAT AAGGTAACAA	26640
	CTGTTTGCGC ATCATCTATC TCAGGCAAAC TTAAATTGAT ATCGTCATAT AATTGAATAT	26700
50	CACGTTCTGT CATCAAATTA AGTTCATCTA CAGTTGTTTG TTTATTTCCA TTTTCTTCAG	26760
	TAATTTGCAA ATAAATATTT CGAACTAAGT CACTCAGCGT CTCGATTGAG AGCAAATCAT	26820

55

	CTAAAGATGT ATGTGCATCA TGTATTTGAT GTACATCCTC AATAACATCA TTACAACAAG	26940
	ACATCATATG ATGATAACAA TGAAAAATAG TCTCTAGTGA AAGCGAAGAC TTCGCGCACT	27000
5	GTAATTGCGA CATATTTTGC AACACACATT TATTAATAATC TGTGTAAAA CGTTGACATA	27060
	CATCTTTTGC ATCGATTGTT AACGTTAACG GCACAATATT TCCGTGTAAA TCATTTGGTA	27120
	AATGTGATGG TACATGTATA CCTAATGTGA CATCATGTTG TTGACTCATT ATATGATTAG	27180
10	CTAAATACAC ACTAACAGCC AACGATGCCA TATCTATTGA TGTCATATCA TCAATCAAAT	27240
	ACGTTTGATA TAAAGCTTGT TCAAATGGAT GCTTAATTGG AAAATAACTA TCAATATGGA	27300
15	TGTCAGAGTT ATTCTCTAAC CGAAAAATAGT TTGAGTCTAA TGCTATATGC GATGCATCTT	27360
	GATTGTCTTT ATCATCATTT CTATTTATAT GTGCATGCTG TCGAGTATTG TTAATAACAG	27420
	TATTGCCACG ATATGCATTG CATAAATCAT CAAGAAaAAT ATCAATTTGA CTATCATCga	27480
20	AAATGGaCAC ATGAAAATCT aATAGTATAT ATGcAGCATC AGCGAACTGm AACAATTTAA	27540
	CTTTGAATAA AGGTGAATCA TTAAAAATGGT AAGTACTTAA TTCTTGCTTA AAAAAAGCTT	27600
	CTAAATCATA GTTTGCGGAA GAAGATGGAA CTTGTTTTAT CTCAATAAAA GGCAGAAATT	27660
25	CATGAAGTAT CATTGTAAAA TTGTCATCGG TAGTAACATC AAAAAAATGT CTTATAGATG	27720
	CATGTTGTgC ACAATTGTcG ATAATGCATA CATCATTTTA GTAGCTTCAA CATTTTTAGC	27780
	GAGTTTAAACC CAATACGCAT TACGGTGTGT CGTTGATTCT GTATTATTTT TGTATATACG	27840
30	AAAATATTCC TGTGAAATC TCAAATTACC CATAATCATA AAAAGTCCTT CTTTCATATC	27900
	ATAATACTCA TTACTTACTG AAATTGCATG ATGATATGAT AACCGACGAA ATGTTAATTA	27960
35	ACTCGTTATG TAATGaTTAA TATAAAACAC CATTGCAAC ATATGAGCGA TATATTCTAC	28020
	CCTAAAATAC ATCTTGATC ATCGTTACAA TTGGTATATT TTTCAATGTA AATTACATAC	28080
	ATCTTCGATA AATAGCACAC TACAAATCGT TAATCACTTT CTGTTGTTCA CATCTCATTG	28140
40	CAAACCTCAAT ATTGTTGTTA CAAATATCC ATGAAGCAAG TTTATATTAA ACAAACAAC	28200
	CGCATAAAAC AATTGTTATC CTTAAATTTT AACAAATTCT TAATAAATTT ATCTCTATTT	28260
	TAATTACGAC CAAATTAATA GGTTTCCAT ATAAAAAGAT GCATAAAATA AATATTTAAA	28320
45	TAAATTCAAT TTGTATTAC TTGTTTTGT CCCCCAAATA CACCAGCAAC AAGCATGCTA	28380
	GCACCAATTG TTAAAACGAT AAACATATAC AGTCCCATTT GTAATGACGT TAAGAAAACA	28440
	CCCAACACAA TCCCTAACCT AGCTAGTGTT TCTGAAAAAT GAATACCTAA TGCATTAAC	28500
50	GCACTATATG TTCCTCTTTT AGCTTTAGGA ATAATTTTAA AGCGTTGTTC TGAAACTATA	28560
	GGCGAATAAA TAATTTCAAC TACAGTCGCA ATTATCATAA AAACAACATA TAAGCCAAAC	28620

55

GCTTTTTTAA AATCTATTTT CAATACAACCT TTCGAGATTG AATACGTGAG TAaAATGACG 28740
 ACGACCGTAT TAATCATTAG CAAGATTGCT AACATCTTAG CACCTGTAAT ATCATATGAA 28800
 5 CCTATACTTA TTGTTTCAAA CTGATCCTTT AGTCTAATAG CAATATATGA GGAGATTGAA 28860
 AATTCAACCA TCATGATGAT ACTGAACCCC GAAATCAATA ACATATAATT ACGGTCTTTC 28920
 AAAACTAATT TATAACTGCG AAATATATTC ATTATTTGTA ATTTTGTATA ACGACTTGCA 28980
 10 TGCCTCTTGT CATCACTTTG CTTTACTTGA TTTCGGTCTT GAGGTAACCA AATATATAAA 29040
 ATAAAGAGTA CAATTAAAAA TATACAAGCT GCTATTAAGA AAAGTAGTAA CATACTGTAG 29100
 CCATACATCA AGCCACCTAA CAATGCCCCA ATAGCTACCG ATAAGTTTGT CATCCAATAG 29160
 15 CTAATCTTGT AAATATAATG TTCCACGTCT TCGGTAATTG CATCCATAAT TAATGTGTCC 29220
 ATAAGTGAA ATTGTAATCC CCAAACGATT GTAAATATGG CATATGCAAC AAAAAACCA 29280
 ATAATTGCC ACAATTGATG TGACCCAAAT ACGCCCATGA ACACAAGCAT TATCACCATC 29340
 20 GTCGCTTGAT AAATAAGTAC TAGCAACTTT tTCGGAAATA TCTCAATAAG GTAACCAGAT 29400
 ATAATGGACA ATGGAAATTT nAGAACCACT AAACCAACAA GATATATACC GACAATTGAT 29460
 25 TGACTTAACA TATCTGTAA ATATAGTGCT ATAAACGGTA TAAATGCTGT CGTAATAATT 29520
 AGCTGTAAAA nATTGCTAAT CAATCGTACT TTCAA 29555

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 207:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1539 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 207:

AAAAAAAAAA AAAAAAGGTG AATCTTTAAT TAAACACTAA TATTGTAAAA GATGTTAAGT 60
 40 AAACGCTTAA TGACACTTAT TTTTGA AAAA TAATAGTAAT ATCATTTTGT TAAATGAAAG 120
 AATAAGCTA TAATmATTAT AGAATAACTA TTAAAGGAG ATTATAAACA TGCCAATTAT 180
 45 TACAGATGTT TACGCTCGCG AAGTCTTAGA CTCTCGTGGT AACCCAACTG TTGAAGTAGA 240
 AGTATTAACT GAAAGTGGCG CATTGGTTCG TGCATTAGTA CCATCAGGTG CTTCAACTGG 300
 TGAACACGAA GCTGTTGAAT TACGTGATGG AGACAAATCA CGTTATTTAG GTAAAGGTGT 360
 50 TACTAAAGCA GTTGAAAACG TTAATGAAAT CATCGCACCA GAAATTATTG AAGGTGAATT 420
 TTCAGTATTA GATCAAGTAT CTATTGATAA AATGATGATC GCATTAGACG GTA CTCCAAA 480

AGCTGACTTA TTAGGTCAAC CACTTTACAA ATATTTAGGT GGATTTAATG GTAAGCAGTT 600
 ACCAGTACCA ATGATGAACA TCGTTAATGG TGGTTCTCAC TCAGATGCTC CAATTGCATT 660
 5 CCAAGAATTC ATGATTTTAC CTGTAGGTGC TACAACGTTT AAAGAATCAT TACGTTGGGG 720
 TACTGAAATT TTCCACAAC TAAAATCAAT TTTAAGCAAA CGTGGTTTAG AACTGCAGT 780
 AGGTGACGAA GGTGGTTTCG CTCCTAAATT TGAAGGTACT GAAGATGCTG TTGAAACAAT 840
 10 TATCCAAGCA ATCGAAGCAG CTGGTTACAA ACCAGGTGAA GAAGTATTCT TAGGATTGTA 900
 CTGTGCATCA TCAGAATTCT ATGAAAATGG TGTATATGAC TACAGTAAGT TCGAAGGCCA 960
 ACACGGTGCA AAACGTACAG CTGCAGAACA AGTTGACTAC TTAGAACAAT TAGTAGACAA 1020
 15 ATATCCTATC ATTACAATTG AAGACGGTAT GGACGAAAAC GACTGGGATG GTTGAAACA 1080
 ACTTACAGAA CGTATCGGTG ACCGTGTACA ATTAGTAGGT GACGATTAT TCGTAACAAA 1140
 CACTGAAATT TTAGCAAAAG GTATTGAAAA CGGAATTGGT AACTCAATCT TAATTAAAGT 1200
 20 TAACCAAATC GGTACATTAA CTGAAACATT TGATGCAATC GAAATGGCTC AAAAAGCTGG 1260
 TTACACAGCA GTAGTTTCTC ACCGTTGAGg aAACAGAAGA TACAACAATT GCTGATATTG 1320
 25 CTGTTGCTAC AAACGCTGGT CAAATTAAAA CTGGTTTATT ATCACGTACT GACCgTATTG 1380
 CTAAATACAA TCAATTATTA CGTATCGAgA TGAATTATTT GAAACTGCTA AATATGACGG 1440
 TATCAAATCA TTCTATAACT TAGATAAATA ATTTTCTnTA TAATCAAATG CTGACATAAT 1500
 30 TTTAGTTGAG GATTATTATG ACGGTATAAA TAAATAAAG 1539

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 208:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

35 (A) LENGTH: 846 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 208:

CAATTTCTAT CTATCAATGA TGTGCATACT TCCanTTAAA TTAAtCGAAA TGaATCAAGG 60
 TATATCATTCTGCTCTTT ATATAACaAC AAATAGTGAT TACAATATTT CGGTTATTAA 120
 45 CACGAAAATT TTACAAGCAC CTATTTTATT TACATATATA TACAGCAAAA AAGAAAGCCC 180
 AGAAATATTG GTGTTTATTA AATCATTTAA AAAGTATATT GCCAATGAAC AATTATAATA 240
 AATTTCAAAT CTAAAAAAC AAGAATGCGA TTAATCATCA CATTCTTGGT TCAATTTTAT 300
 50 TCATGAATTT TTTCAACATT AACGTTAAG TTATTGCTG AATTTAAATT AACTTTAATC 360

55

CGTTGTACAA AACGTTTTAA TGGTCTTGCA CCGTATTGAG GTTCATAAGC TTCTTGACCT 480
 AGCCAAGCTT TAGCATCATC AGAAACTTCA ATTGAGATTC GTTGTCTTAA TAATCTTATA 540
 5 TTTAATTGCG TTAAGATTTT ATCTACAATC ATACTCATGT CATCAATAGA TAATGGTTTA 600
 AATAATACGA TATCATCCAT ACGATTCAAA ATTTCTGGTT TGAAATATGC ATTTAAACTT 660
 GTCATAACAG CTTTTTCTGT TGATTCTGTA ATTTACCAG TCTCTTTTAC GTTTTCTAAT 720
 10 AAAACTTGAG ATCCAATATT ACTTGTGATA ATAATAATAG TATTTTAAAT ATCAACGCTA 780
 CGTCCTTTAG AATCAGTTAA ACGGCCTCAT CTAAATTTG CAATAATACA TTAAAGACGT 840
 CAGTAT 846

15 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 209:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1674 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 20 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

25 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 209:

nTGGGAACAG TAAGCCAGTA TTTTtagAAA GTTGCCATAC ATGAGCGTCG ATTTTCCAA 60
 TAGGCTATG AACTAGAAC AATGGGAATT TGGAGGAAA GTAAATGATT AAACCTAAAA 120
 30 TAGCATTAA CATTGCAGGT ACTGATcCaA CAGGTGGTGC CGGCGTAATG GCTGATTTAA 180
 AATCATTTCA TTCATGTGGT GTATATGGTA TGGGCGTCGT TACAAGTmTT GTTGCTCAAA 240
 ATACATTGGG CGTACAACAT ATTCATAATT TAAATCATCA ATGGGTAGAT GAACAACTTG 300
 35 ATAGTGCTT CAATGATACC TTACCTCATG CTATTAAAAC GGGGATGATT GCTACAGCAG 360
 ATACTATGGA AACGATTTCG CATTATTTAA TGCAACATGA ATCTATTCCA TATGTAATtG 420
 ATCCTGTTAT GTTGGCGAAA rCggTGATTc ATaATGGwTA ATGACaCAAg CaAAACTTGC 480
 40 AGCATaCGTT ATTGCCATTA GCTGACGTAG TAACACCGAA TTTACCAGAA GCTGAAGAAA 540
 TAACGGGACT AACCATTGAT AGTGAAGAAA AAATTATGCA GGCTGGCCGC ATCTTTATTA 600
 ATGAGATTGG TAGTAAAGGT GTCATCATT AAGGCGGTCA TTCAAATGAT ACTGATATAG 660
 45 CAAAAGATTA TTTATTTACT AACGAAGGTG TTCAAACATT TGAAAATGAA CGATTTAAAA 720
 CAAnACATAC GCATGGAACA GGGTGTACAT TTTCAGCAGT TATAACGGCA GAACTTGCAA 780
 AAGGTAGACC ATTATTTGAG GCTGTACACA AGGCTAAAAA GTTTATTTCA ATGAGTATAC 840
 50 AATATACGCC TGAAATCGGC CGTGGTAGAG GTCCAGTGAA TCATTTTGCA TATTTAAAGA 900

TGTATACAA ACGATGTAGT TAAAAATTTT ACAGCGAATG GTTTATTAAG TATTGGTGCT 1020
 AGCCCTGCAA TGAGTGAAGC TCCCGAAGAA GCTGAAGAAT TTTACAAAGT TGCACAAGCG 1080
 5 CTATTAATCA ATATCGGTAC TTAAACAGCA GAAAATGAAC AAGATATTAT TGCGATTGCT 1140
 CAAACGGCAA ATGAGGCAGG CTTACCTATT GTATTGACC CTGTAGCTGT TGGTGCTTCT 1200
 ACATATCGAA AGCAATTTTG TAAATTATTA TTGAAATCAG CGAAAGTATC AGTAATTAAA 1260
 10 GGCAATGCAT CTGAAATATT AGCGTTGATT GATGATACAG CAACTATGAA AGGTACAGAT 1320
 AGTGATGCTA ATCTTGATGC GGTGCAATA GCGAAAAGG CTACGCAACA TATAAACTG 1380
 15 CAATAGTAAT CACAGGTAAA GAGGACGTTA TTGtTCmAGA TAATAAAGCC TTCGTATTAG 1440
 CTAATGGATC TCCATTATTA GCACGAGTAA CTGGAGCTGG TTGTTTATTA GGAGGCGTTA 1500
 TTGCTGGATT TTTATTTAGA GAAACAGAAC CAGACATAGA AGCGTTAATT GAAGCGGTAA 1560
 20 GCgkATTAA TATTGCTGCT GAGGTAGCTG CTGAAAATGA AAATTGTGGT GGTCTTGTA 1620
 CGTTTTCAAC ATTGTTGCTT GATACGTTAT ATCATTTAAA TGAAACAACC TATC 1674

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 210:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2232 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 210:

35 ATGAGTTGCC GATGAATTTA GCACCACCAA CGATTGCTT TGATACTGTG TCCCAACCAG 60
 CTGTGTTAGC ATATTTAATA CCTTCACGTA AAGGATCGTT ATCATATGCA GCAATACCAA 120
 ATACGTTATG GTATTTCTGT TTTGAGTTAG TTACAACTTT GTTTTGCACT ACATCTGCAC 180
 40 CTTTCGCTAA TTGAGAAGTA CCGTTACCTG TTTCTAATAG GGCATGTGAG ATAAGATAAA 240
 CTTCAATTAAT GCCATACATT TGAGCAGCTT TGTTAAATGC AGCACCTTGG TTTTCTAATA 300
 CACCTTTACC TTTTAAGAAT TGATTAATTT TATCAATAGA AATATTTTGT GGTGTTGCTA 360
 45 AGCGTAAGAA TTGATATTTT AATGCTGGAT CTTGAGCTAA ACGCTTCGTA TCCATTGCAT 420
 GCTTAACATC ATTAAATTTA GCATCTGTCC ACTTACCTGG TACACGTTGT ACTGTGGTT 480
 50 TATATTGTAA ACCAGCTTGT ATTTGAGCAA CTTGGTTTAA TGTCATACCT GTTTGATTAT 540
 ACTTAATTAA TTCTTTAGCT AAATCAGTTG ATTTAATCCA TGCTAATTTA CCGTTAGATA 600
 ATTTACCATA GTACCAAGTT TGTCCATTAA TGACTTGTTT TTTAACAACCT GCGAATGGTT 660

AACCATTACC ATTTTAAATT ACATAAGTGT AGTTATAATC TTTGGCAGCT GATGTAGTTG 780
 GTTTCACAGC AGTTGGTGCA GTTAAATCTT TTGCATTAC CCAACCAGTG CGGTTATTAA 840
 5 TAGTACCGTA TAAATAAACA TCTTTCGCTA CAGATACTTG TTTGTTGCA TTAAATGTAC 900
 CTTGAGCAAT GTTATTGCCT GTTAAAATGA CTTGGTTTTT AGTACCCCAA GGAACCATTG 960
 10 ATAAGCCGTT ATTTGATTTA TTAACAGTAT ATTTTGTAGT CGTTTTAACT TCTTTCGCTA 1020
 AGTTTTGAAC ATTTAAGTCT TTTACATTGA ACCAACCTAA TGGGATGTTA TGGCTTGTAT 1080
 TGTTTTAATA TACATACGTT TCATTACCAT GAGCACGCTC TTTTGTACA TAGAACGTAC 1140
 15 GGTCTGCATA TTTGCGACCG TTTTTCGCTG TTTTTCATA AACAGAAGCA CGAATACCAG 1200
 TGTTGTTTGG TTTAACTTGA GCAATCTTGC TAACTGTTTG AGTCGTTTGT GGTTTAGTAA 1260
 CAGTATAAGC TTTTACAGCT GTTTTTGGTT GTGCTACTGC TTTTTTAGGT GCAGCAGGTA 1320
 20 CAGCTAAATA TGCTTTACTT ACCCAACCAG ATTTACCATT TACAGTTCCA AATAAATAGA 1380
 TAGATTTATC AATTTGTTGT TGCTTAGTCG CTTTAAAAGT TTGGTTACCT GTACCAGAAA 1440
 25 CTGCACCAGC TTCTTGTTTA TAAGTGCCCC AAGGTACTGA ATATAATTTA GTGCCTGGgT 1500
 TTAAGTGTATA TGTTTGCATT ACATTTACAG GTGATTTTGC ATTGTTATAA ATACGTCACC 1560
 TTGTTTAACC CAACCAATTA AAGTTGGACT ATTGTAATCT TTAAGTAAGT AGAATTTGTT 1620
 30 TCCACCTAAA CTGCTTCTT TTGTTACAGC AAATGTTTTT TGAAGTCTT TCGTTGGCTT 1680
 ACCAGTTTTG TCATAAACTG TAGTGAATAA GCCATTGTTT TTAGCATTAA TTGAGCAAC 1740
 ACCGTTTAAAT GATGAAACTG TTAATTTAAT ATTTGTTGTA GGTGTTGATG GCTTAGGTGT 1800
 35 TGGTGTAGGC GTAGGTTTAG CAGTATCAAC TAAATATGCT TTAAGTACCC AACCAGATTT 1860
 ACCATTCACA GAGCCATATA AATAAATTGA TTTATCAATT TGTTGTTGCT TTGAAGCCTT 1920
 40 AAATGTTTGG TTTCCAGAGC CAGACACACT ACCAGCAACT TGTTTAGATG TACCCCAAGG 1980
 TACTGTATAA AGTTTCGTAC CAGGTTTGAT TGAATATGAT TGATTTACAT TTACAGGTGA 2040
 TTTAGCTGTG TTGTAAACCA CATCGCCTTC TTTAACCCAA CCAAATTTAT TACCAGAATT 2100
 45 GTAATCTTGA ACAAGATAGA ATTTTGTATT ACCTAATGTA GCTGTTTTAG ATACAGCAAA 2160
 TGTTTTTTGA ACTTCATTAG TTGCTTTACC AGTTTTGTG TATACAGTAG TATATAAACC 2220
 ACTATTTGTT GG 2232

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 211:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 2082 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 211:

5	GATTTAAATA AAATTAATGG ATATCGTGAT CGTACGATGT TAGAACTTCT GTACGCAACG	60
	GGAATGCGTG TATCTGAATT GATACATTTA GAGTTAGAAA ACGTGAACCT AATAATGGGA	120
	TTTGTACGCG TATTTGGTAA AGGCGATAAA GAAAGAATTG TACCATTAGG CGACGCAGTC	180
10	ATTGAGTACT TAACTACTTA TATTGAAACG ATTAGACCGC AACTTTTAAA AAAGACTGTT	240
	ACTGAAGTCT TATTTTAAA TATGCATGGT AAACCTTTAT CACGACAAGC AATATGGAAA	300
	ATGATTAAAC AAAATGGTGT AAAGGCAAAC ATTAATAAGA CGTTAACGCC ACATACGTTA	360
15	CGCCACTCTT TTGCGACACA TTTATTGGAA AATGGCGCAG ATTTAAGAGC AGTGCAAGAG	420
	ATGTTAGGtC ACTCTGaCmT ATCTACTACC CmaCTCTATA CmCATGTTTC GrAATCTCAA	480
	ATTAGAAAAA TGTATAACCA ATTTTCATCCT AGAGCATAAA GTGAACAATA ACTCAAAAGT	540
20	CACAATACAC ATGACTAAAA ATGTCTGTGC TATTGTGGCT TTTTAAATT GGTGATTAA	600
	TTACGTCTAT GTTTCTTAA TTGAATCGCT TCTTCTTTTG CTGCAATCAC TTCTGAACGA	660
25	TCACGGCGCA TGTGATGGTC TACAATAAAA GGATCTGTTG CTGTTTCCTG ATTATAATCA	720
	TAGTCTGGAT AGTTGGCCTT GATGATGCGT TCAAAGACTG GAGTTATTGG TAATATAACA	780
	GATGAAAAAG GCTTTGCTGC ATTCAATTTT GCAATCTGTT GCTCAATTAA CAACTGATAA	840
30	TCATTTAAAT TAAGGTATAA CGCATCTCTA TCTTTAGCAT TTTGTATTAT TTCTTTAGAT	900
	TTATTTAAAG ACTTATAGGC GCCTTTTAAA TTATTGCGGC GATAATGGTA ACAAGCAGTT	960
	GCAACAAGA TTAAACTAAC AACTGCATCT TGCTTACTGT AGTTATTTTC AGCTTTCCAT	1020
35	GCATCTTCTA AAATGTCATG ACATAGGAAA TAATGTTGCT TAGTATGAAA TTGATAATAG	1080
	AAATTTATCA GTGCCTGTTG CATTTTGTTA TCACCCCAAT TTAAAAGTAA GTTATTTTCA	1140
40	TGCTATAATA TTTTAGAGAA TTATGCACAT ATGACGCAAT ACGAGGTAGA TATTATGTAT	1200
	GAAGTTAAAT TAGATGCTTT CAATGGACCA TTAGATTAT TGCTGCATCT TATCCAAAAA	1260
	TTTGAAATAG ATATTTATGA TATTCCTATG CAAGCATTAA CAGAGCAGTA TATGCAGTAC	1320
45	GTTCATGCAA TGAAACAGCT TGAAATTAAT ATTGCAAGTG AATACCTAGT ATTAGCGTCA	1380
	GAACTCTTAA TGATTAAAAG TAAGATGCTA TTACCACAAT CAACATCAGA TATGGATGTT	1440
	GATGATGACC CACGGGAAGA TTTAGTtGGG CGTTTAATAG rATATCaAAA TTATArAGAA	1500
50	TATACTGCTA TTTTAAATGA CATGAAAGAA GAAAGAGATT TTTATTTTAC CAAAAAGACC	1560
	GACAGATTTA TctCATTTGG AAaCAGATGA ATCyTGGGAT CCaATCATA CGATTGATTT	1620
55		

	ATCTGTTGAA ATCCGAAAAG AGACATTTAC CATTCAACAA GCTACAGAAC AAGTGACATC	1740
	GAGATTGAAA GATAAAGATC ATTTTAACTT CTTTAGTCTG TTTACGTTTT CTGAGCCAAT	1800
5	TGAACAAGTA GTCACTCACT TTTTAGCTAT TTTAGAGATG TCAAAAGCAG GAATAATTAA	1860
	TATTGAGCAA CAACGTAATT TTGAAGATAT TAACATTATT AGAGGAGTGA ACTACCATTT	1920
10	TGGATAATCA TGGTATATTA GAGTCGCTTT TATTTACAGC TGGCGATGAA GGTTTAGATG	1980
	AAAAACAACCT ATTAGAAATA TTAGATATGT CGAAAGACCA ACTCGTTGAA TTAATTGAAA	2040
	ATTATTCATC ACATGGATTA ATGATACAAC GATTTGAAT GA	2082

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 212:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4219 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 212:

25	TCTATTCTCG TTCTTCCAAG ACCCTGaATT AGAAGTTAAG AAAATCGAAG AAGATGAGAA	60
	AGAATCTATT AAAAAAGCTC AAAAAGGTAT TTATAAAGAC CCTAGAGACA TCAATGATGA	120
30	CGAACAAGAT GATGATACAA AAGATACTGT TGATAAAAAG GAATGATTGT AATTGCCTAA	180
	CAAAAACACT CAAGAATATT GGAAGAACG CGGACGCAAA GCAATCGAGA ATGAGTTGAA	240
	GCGTGATAAA ACTAAAGCTG AAGAAATAGA ACGTATATTG AATATGATGA TTAAGCGCAT	300
35	TGAAAAAGAG ATCaATGCGT TTATTGTCAA GTACGGAGAT TTTGCAGGCG TTACATTACA	360
	AGAAGCACAA AAGATTATTG ATGAGTTCTGA TGTAAGCGG TTTCAAGAAG AAGCAAAAAG	420
	ATTGGTCGAA AACAAGGAGT TTAGCGATAG AGCAAATGAA GAATTAAAGA AGTATAACAC	480
40	GAAAATGTAT GSTATCTAGAG AACAGATGTT AAAGATTCAA ATAGAATTCT TAATTGCTTA	540
	TGCAACAGCT CAAACAGAAT TATCGATGAG GGAATATTTT GAATCAACAG CTTATCGTGT	600
45	GTTTCAGTGAT CAAGCGGGTA TTTTAGGTGA AGGTGTACAA GTAGCTAAAG AAGTTATAGA	660
	TACAATCGTT GATACACAAT TTCATGGTGT CGTTTGGTCA GAGCGATTAT GGAATAATAC	720
	CGAAGCAATC AAACAAGAAG TAGAAGAAAT AATTGCTAAT GTAGTTATTA GAGGTCGACA	780
50	TCCTAATGAA TATGTTAAAG ATATGCGCAA CACTTAAATA AATTCGAAGG CACAGCACGA	840
	CAAAAGACCG CAGCAATTAA ATCATTGCTT TATACGGAAT CGGCACGTGT TCACGCACAA	900
55	TCAAGCATTG ACAGCATGAA AGAAATTTCA CCGGAAGgAT ATTATATGTA TATTGCAAAA	960

	GACGCTAAAA TTGGTGTTAA TTTCTATCCT ATGCATATCA ATTGTCGTTT AGATTGCGCT	1080
	TTACTACCTA AATCTATGTG GCCGAAAAAA CCAAGCAAGA AACGAAAAAC AAAATACTTC	1140
5	GGAGGGAAAG TGAAAAGCGG TGATTGATTT AAAAGTGAAG TTTTAAAG GCAAGTTAGT	1200
	TTTGTATGAC AGTAAATTAA ATGTTTGGAG GATACTAATA TGAGTAATAC TGACAAATAC	1260
10	CTTAGAGACA TAGCAAGAGA ATTAAAAGGT ATACGTAAAG AGTTACAAA GCGAAACGAA	1320
	ACAGTTATTA TTGATGCAAA CTTAGACAGT TTAAGGTCGG CAGTATTAGC CGATAAAGAA	1380
	AAATCGAAAT ATAATGAACC TCTCTTTTAA TAGCTAGCAC TTAATTGTGT TGGCTATTTT	1440
15	TTATGTCCAA AACGTGCTGA TGACATAAAA AGCACGCATG GAAAAACAGT CGACAGACTA	1500
	TAAATGGAGG TATATCTCAT GGAAGAAAAT AACTTAAGT TTAATTGCA aTTTTTTGCA	1560
	GACCAATCAG ATGATCCGGA CGAACCAGGC GGAGATGGTA AAAAAGGAAA TCCTGATAAG	1620
20	AAAGAAAATG ACGAAGGTAC TGAAATAACT TTCACGCCAG AGCAACAAAA GAAAGTTGAT	1680
	GAAATACTTG AACGTCGTGT AGCCCACGAA AAGAAAAAAG CTGATGAGTA TGCAAAAGAA	1740
	AAAGCAGCAG AAGCTGCTAA AGAAGCTGCT AAATTAGCGA AAATGAACAA GGATCAAAAA	1800
25	GATGAATATG AACGCGAACA AATGGAAAA GAACTGGAAC AATTACGTTT AGAAAAACAA	1860
	TTAAACGAAA TCGGTTTCTA AGCACGAAAA ATGTTGAGTG AAGCGGAGT TGATTCATCA	1920
30	GATGCGGTTG TCAATTTAGT TGTAACAGAT ACTGCTGAAC AACTAAATT GAATGTTGAA	1980
	GCTTTTTCTA ATGCAGTAAA AAAAGCGGTT AATGAAGCGG TTAAGGTTAA CGCTAGACAA	2040
	TCGCCATTGA CTGGTGGAGA TTCATTTAAT CACTCGACTA AAAATAAACC GCAAACTTA	2100
35	GCTGAAATAG CTAGACAAAA AaGAATTATT AAAAATTAAC GGAGGCATTT AAATGGAACA	2160
	AACACAAAA TTAAATTAAT ATTTGCAACA TTTTGCAAGT AACAAATGTA AACCACAAGT	2220
	ATTAAACCTT GACAATGTAA TGATGCATGA AAAGAAAGAT GGCACGTTGT TAAACGACTT	2280
40	TACAACACCT ATCTTACAAG AGGTTATGGA AAATCTTAAA ATCATGCAAT TAGGTAAGTA	2340
	CGAACCAATG GAAGGTACTG AGAAGAAGTT TACTTTTTGG GCTGATAAAC CAGGTGCTTA	2400
45	CTGGGTAGGT GAAGGTCAAA AAATCGAAAC GTCTAAGGCT ACTTGGGTTA ATGCTACAAT	2460
	GAGAGCGTTT AAATTAGGGG TTATCTTACC AGTAACAAAA GAATTCCTGA ATTACACTTA	2520
	TTCACAATTC TTTGAAGAAA TGAAACCTAT GATTGCTGAA GCTTTCTATA AAAAGTTTGA	2580
50	CGAGGCAGGT ATTTTGAATC AAGGTAACAA TCCGTTTCGGT AAATCAATTG CACAATCAAT	2640
	TGAAAAAACT AATAAGGTTA TTAAAGGTGA CTTACACAA GATAACATTA TTGATTTAGA	2700
55	GGCATTGCTT GAAGATGACG AATTAGAAGC AAATGCATTT ATCTCAAAAA CACAAAACAG	2760

	TGATTCGTTA GACGGTCTAC CTGTGGTTAA CCTTAAATCA AGCAACTTAA AACGTGGTGA	2880
	ATTAATCACT GGTGACTTCG ACAAATTGAT TTATGGTATC CCTCAATTAA TCGAATACAA	2940
5	AATCGATGAA ACTGCACAAT TATCTACAGT TAAAAACGAA GATGGCACAC CTGTAAACTT	3000
	GTTTGAACAA GACATGGTGG CATTACGTGC AACTATGCAT GTAGCATTGC ATATTGCTGA	3060
	TGATAAAGCG TTTGCTAAGT TAGTTCCTGC TGACAAAAGA ACAGATTCAG TTCCAGGAGA	3120
10	AGTTTAAATAA ATAATTAGGA GTGGTAACAT GCCCAGAAATC ATTGGAATTG TTAAAGTAGA	3180
	TTTTACAGAT TTAGAAGATA ACAGACATGT CTATATGAAA GGGCATGTCT ACCCTCGTAA	3240
15	AGGTTATAAT CCTACAGATG AACGTATCAA AGCTTTAGCT AGTGTGAAA ATAAACGCAA	3300
	CAAACAAATG ATTTACATTG TAAATGACAA ATTAACCAAA AAAGAAGTTG TCGAAATAGC	3360
	AAGTGTGCT GGCTTACAAG TTGATGAAAA ACAACAAAA GCTGAAATTA TCAATGCTTT	3420
20	TGAGTCACTA GAGTAGGTGG TTATATGACT ACGCTAGCTG ATGTAAAAAA ACGTATTGGT	3480
	CTTAAAGATG AAAAGCAAGA TGAACAATTA GAAGAAATCA TAAAAAGTTG TGAAAGCCAG	3540
	TTGTTATCAA TGTTACCTAT TGAAGTTGAA CAAATACCGG AAAGgTTTAG TTACATGATT	3600
25	AAAGAAGTTG CAGTTAAACG CTACAACAGG ATTGGTGCTG AAGtATGACA TCAGAAGCGG	3660
	TTGACGGACG TAGCAATGCG TATGAATTGA ACGATTtCAA GGAGTATGAA GCTATTATTG	3720
30	ATAATTACTT TAATGCTAGA ACGAGAATA AAAAAGGAAG GGCTGTGTTT TTTTGAGATA	3780
	TGAAGATAGA GTTATTTTTC AATTAGAACA AGTAGCAACT TACAATCCTA AACTAGCAA	3840
	AAAAGAAAAC AACTAATCA CTTATGATGC GATACCATGC AATATTAACC CCATTCTAG	3900
35	AGCAAGAAAG CAACTTGAAT TTGGTGATGT AAAAAACGAT GTAAGTGFTC TGAGGATAAA	3960
	AGAATCAATA TCTTACCCTG TTAGCCACGT GTTGGTTAAT GGCATTGCT ACAAGATAGT	4020
	TGATCAAGG ATATACAGAC ACGAAACGTC ATATTATATC GAAGAGGTCA ATTGATGAAT	4080
40	ATAGATGGAT TAGACGCACT GTTAAACCAA TTTACGATA TGAAAACCAA CATTGATGAT	4140
	GATGTAGATG ATATTTTACA GGAAAACGCC AAAGAATATG TAGTACGAGC TAAATTGAAA	4200
45	GCTAGAGAAG TAATGAATA	4219

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 213:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1999 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

	GCTTACAAGT ATATTCATAA TTACATATTC AAGGTCCTTG CATGTGGTAT TTTGCTATGG	60
	yCtTTaACTA CAACGGGGTC TAAGACTGCG TTTATCATAT TAATCGTCTT AGCCATTtAT	120
5	TyCTTTATKa AAAAGTTATT TAGTAGAAAT GCGGTAAGTG TTGTGAGTAT GTCAGTGATT	180
	ATGCTGATAT TACTTTGTTT TACCTTTTAT AATATCAACT ACTATTTATT CCAATTAAGC	240
	GACCTTGATG CCTTACCGTC ATTAGATCGA ATGGCGTCTA TTTTGAAGA GGGCTTTGCA	300
10	TCATTAAATG ATAGTGGGTC TGAGCGAAGT GTTGTAIGGA TAAATGCCAT TTCAGTAATT	360
	AAATATACAC TAGGTTTTGG TGTCGGATTA GTGGATTATG TACATATTGG CTCGCAAATT	420
	AATGGTATTT TACTTGTTGC CCATAATACA TATTTGCAGA TCTTTGCGGA ATGGGGCATT	480
15	TTATTCGGTG CATTATTTAT CATATTTATG CTTTATTTAC TGTTTGAATT ATTTAGATTT	540
	AACATTTCTG GGAAAAATGT AACAGCAATT GTTGTAATGT TGACGATGCT GATTTACTTT	600
20	TTAACAGTAT CATTTAATAA CTCAAGATAT GTCGCTTTTA TTTTAGGAAT TATCGTCTTT	660
	ATTGTTCAAT ATGAAAAGAT GGAAAGGGAT CGTAATGAAG AGTGATTCAC TAAAAGAAAA	720
	TATTATTTAT CAAGGGCTAT ACCAATTGAT TAGAACGATG ACACCACTGA TTACAATACC	780
25	CATTATTTCA CGTGCATTTG GTCCCAGTGG TGTGGGTATT GTTTCATTTT CTTTCAATAT	840
	CGTGCAATAC TTTTGTATGA TTGCAAGTGT TGGCGTTCAG TTATATTTTA ATAGAGTTAT	900
	CGCGAAGTCC GTTAACGACA AACGGCAATT GTCACAGCAG TTTTGGGATA TCTTTGTCAG	960
30	TAAATTATTT TTAGCGTTAA CAGTTTTTGC GATGTATATG GTCGTAATTA CTATATTTAT	1020
	TGATGATTAC TATCTTATTT TCCTACTACA AGGAATCTAT ATTATAGGTG CAGCACTCGA	1080
35	TATTTTCATGG TTTTATGCTG GAACTGAAAA GTTTAAAATT CCTAGCCTCA GTAATATTGT	1140
	TGCGTCTGGT ATTGTATTAA GTGTAGTTGT TATTTTTGTC AAAGATCAAT CAGATTTATC	1200
	ATTGTATGTA TTTACTATTG CTATTGTGAC GGTATTAAAC CAATTACCTT TGTTTATCTA	1260
40	TTTAAACGA TACATTAGCT TTGTTTCGGT TAATTGGATA CACGTCTGGC AATTGTTTCG	1320
	TTCGTCAITt AGCATACTTA TTACCAAATG GACAGCTCAA CTTATATACT AGTATTTCTT	1380
	GCGTTGTTCT TGGTTTAGTA GGTACATACC AACAAGTTGG TATCTTTTCT AACGCATTTA	1440
45	ATATTTTAAC GGTGCAATC ATAATGATTA ATACATTGTA TCTTGTAATG ATTCCGCGTA	1500
	TTACCAAAT GTCTATCCAG CAATCACATA GTTAACTAA AACGTTAGCT AATAATATGA	1560
50	ATATTCAATT GATATTaCa ATACCTATGG TCTTTgGTTT AATTGCaATT ATGCCATCAT	1620
	TTTATTTATG GTTctTTGGT GAGGAATTcG CATCAACTGT CCCATTGATG ACCATTTTAG	1680
	CGATACTTGT ATTAATCATT CCTTTAAATA tGTTGaTAAG CaGGCAATAT TTAtTAAtAG	1740

55

TATGTATAT TTTGATATAT TTTTATGGAA TTTACGGTGC TGCTATTGCG CGTTTAATTA 1860
 CAGAGTTTT CTGCTCATT TGGCGATTTA TTGATATTAC TAAAATCAAT GTGAAGTTGA 1920
 5 ATATTGTAAG TACGATTCAA TGTGTCATTG CTGCTGTTAT GATGTTTATT GTGCTTGGTG 1980
 TGGTCAATCA TTATTTGCC 1999

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 214:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 7769 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 214:

20 TCATTATTAA GACTATTATA TATAATGAAT TTTAACTGGT TTATTAAACG AGAACGTCGG 60
 GAATTAAGTA ACTACAATAA AAATAAGATA TGACAATAAG GAGACTACAC GCGTGATCAT 120
 TGCCATAATT ATATTGATAT TTATTTTCGTT TTTCTTTTCA GGAAGCGAGA CGGCATTAAAC 180
 25 GGCTGCCAAT AAAACAAAAT TTAAACTGA AGCTGACAAA GGTGATAAAA AAGCAAAAGG 240
 CATTGTAAAG TTAATTGAAA AACCAAGTGA GTTTATTACA ACGATTCTAA TTGGGAATAA 300
 TGTCGCGAAT ATTTTATTAC CAACACTTGT TACAATTATG GCTTTACGTT GGGGGATTAG 360
 30 CGTTGGTATT GCATCAGCTG TTTAACAGT TGTATCATT TTGATCTCCG AAGTGATTCC 420
 CAAGTCTGTC GCTGCAACAT TTCCAGATAA AATAACAAGG CTTGTATATC CAATTATTAA 480
 35 TATTTGTGTC ATTGTGTTCC GTCCTATCAC ATTACTTTTA AATAAGTTGA CGGACAGTAT 540
 TAATCGAAGT TTATCTAAGG GCCAACCTCA AGAACATCAA TTTTCAAAAG AAGAATTTAA 600
 AACAAATGTTA GCAATTGCTG GACATGAAGG TGCTTTAAAT GAAATTGAGA CGAGTAGGTT 660
 40 GGAAGGTGTC ATTAATTTTG AAAATTTAAA AGTAAAAGAT GTAGATACAA CACCTAGAAT 720
 TAATGTGACG GCATTTGCTT CAAATGCGAC ATACGAAGAA GTTTATGAAA CGGTTATGAA 780
 TAAGCCATAC ACTAGATATC CAGTGTACGA GGGAGATATT GATAACATTA TTGGGGTGTT 840
 45 TCATTCTAAA TATCTGTTGG CTGGAGTAA TAAAAAGAA AATCAAATTA CAACTATTC 900
 AGCTAAGCCA TTATTTGTGA ATGAACACAA TAAAGCTGAA TGGGTATTAC GTAAGATGAC 960
 50 TATTTCTAGA AAACATTTAG CAATTGTGTT GGACGAATTT GGTGGTACTG AAGCGATAGT 1020
 GTCACATGAA GACTTAATTG AAGAATTATT AGGTATGGAA ATTGAAGATG AGATGGATAA 1080
 AAAGGAAAAA GAAAACTTT CTCAACAGCA AATTCAATTT CAACAACGGA AAAATCGCAA 1140

	GTATTGAATA	TCCAATTATA	CAAGCAGGTA	TGGCAGGAAG	TACGACACCG	AAATTAGTTG	1260
	CATCAGTAAG	TAACAGTGGT	GGGTTAGGCA	CAATAGGCGC	AGGTTACTTT	AATACGCAGC	1320
5	AATTGGAAGA	TGAAATAGAT	TATGTACGCC	AATTAACGTC	AAATTCCTTT	GGCGTAAATG	1380
	TCTTTGTACC	AAGTCAACAA	TCATATACCA	GTAGTCAAAT	TGAAAATATG	AATGCATGGT	1440
	TAAAACCTTA	TCGACGCGCA	TTACATTTAG	AAGAGCCGGT	TGTAAAAATT	ACCGAAGAAC	1500
10	AACAATTTAA	GTGTCATATT	GATACGATAA	TTAAAAAGCA	AGTGCCTGTA	TGTTGTTTTA	1560
	CTTTTGGAAT	TCCAAGCGAA	CAGATTATAA	GCAGGTTGAA	AGCAGCGAAT	GTCAAACCTA	1620
15	TAGGTACAGC	AACAAGTGTT	GATGAAGCTA	TTGCGAATGA	AAAAGCGGGT	ATGGATGCTA	1680
	TCGTTGCTCA	AGGTAGTGAA	GCAGGTGGAC	ATCGTGGTTC	ATTTTAAAAA	CCTAAAAATC	1740
	AATTACCTAT	GGTTGGAACA	ATATCTTTAG	TGCCACAAAT	TGTAGATGTC	GTTTCAATTC	1800
20	CGGTCATTGC	CGCTGGTGGA	ATTATGGATG	GTAGAGGAGT	TTTGGCAAGT	ATTGTCTTAG	1860
	GTGCAGAAGG	GGTACAAATG	GGCACCGCAT	TTTAAACATC	ACAAGACAGT	AATGCATCAG	1920
	AACTACTGCG	AGATGCAATT	ATAAATAGTA	AAGAAACAGA	TACAGTCATT	ACAAAAGCGT	1980
25	TTAGTGGAAG	GCTTGACGCG	GGTATCAACA	ATAGGTTTAT	CGAAGAAATG	TCCCAATACG	2040
	AAGGCGATAT	CCCAGATTAT	CCAATACAAA	ATGAGCTAAC	AAGTAGCATA	AGAAAAGCCG	2100
30	CAGCAAACAT	CGGCGACAAA	GAGTTAATAC	ATATGTGGAG	TGGACAAAGC	CCGCGACTAG	2160
	CAACAACGCA	TCCCGCCAAC	ACCATCATGT	CCAATATAAT	CAATCAAATT	AATCAAATCA	2220
	TGCAATATAA	ATAATCGACC	GCAATCCACA	AAAGCACAAG	CACCCCCAAA	CATTATTTTA	2280
35	GTGCTTGCCA	TTTTTGTGGA	TTGCGTTTCT	ATTTTACCAA	TTTAATCAAA	CGAAAACATC	2340
	AAGCTGAAGA	TCGCCGAAAG	ATTTTAATCA	AGCAAAAACA	TCAAACATAA	GTTGCTGAA	2400
	ATGATTATGA	TAAAAGTTAT	ATGGTATGAT	GACATTGGTG	ATATATATGA	TAAACATCGG	2460
40	ATTAACAGGT	TGGGGTGATC	ACTATTCATT	ATATGAAGAT	TTAGAACGCC	AAACCGATAA	2520
	ACTTAAACA	TATGCTGGAC	ATTTTCCGGT	TGTCGAATTA	GATGCGACAT	ACTATGCGAT	2580
45	ACAACCGGAA	AGAAATATAT	TGAAATGGAT	AAAAGAAACG	CCTGATACAT	TTGAATTTGT	2640
	GGTCAAAATT	CATCAAGCAC	TcACATTGCA	TGCAGACTAC	AAAACATTTG	CAGATACAAG	2700
	GCAAGAACTA	TTTGATCAAT	TTAAGAATAT	GTTAGAGCCC	TTACATACAC	AGAAAAAATT	2760
50	AGCAATGGTA	TTGGTTCAAT	TTCCGCCATG	GTTTGACTGC	AATGCACAAA	ATATCAAATA	2820
	TATTTTGTAT	GTAAGACAGC	AATTACAAGC	ATTTCGAATG	TGTGTAGAAT	TTAGGCATCA	2880
	ATCATGGTTT	AGTGATGCAT	TTAAAGAACA	AACATTGGCA	TTTTTAACAG	AACATCAAAT	2940
55							

	AATCACAAAT GAAATTGCGT TTGTACGTTA TCATGGACGT AATCATTACG GTTGGACTAA	3060
	GAAAGATATG TCAGATCAAG AATGGCGCGA TGTACGCTAT TTATATGATT ATAATGAGCA	3120
5	AGAATTAATA GACTTGGCAC AAAAGGCACA AATATTAGCA CAAAAAGCTA AGAAAGTTTA	3180
	CGTCATATTT AACATAATT CTGGTGGTCA TGCAGCAAAT AATGCCAAAA CATATCAGCG	3240
	ATTATTGAAT ATAGAATATG AAGGGTTAGC ACCACAACAA TTAATATTAT TTTAAGAGGC	3300
10	GACGACTATG TTATTAACAA TTACATTATT AGTTTTAATC GGAGGTTTGT CAGCGATTAT	3360
	AGGGTCTATC GTAGGCATTG GAGGCGGTAT TATTATCGTT CCAACAATGG TTTACCTCGG	3420
15	TGTTGAACAT GGATTACTAC ATAATATTAC AACACAAGTA GCGATAGGGA CGTCTTCAGT	3480
	CATTCTAATT GTGACAGGAC TTTCTTCATC ACTTGGATAT TAAAAACAA AACAAGTTGA	3540
	TATTAATAAT GGTTCATCT TTTTATTTGG ACTATTACCA GGTTTCATTGC TTGGGTCTCT	3600
20	CATTAGTAGA TATTTAACAT TTGAGTCATT TAATTTATAT TTTGGTATCT TTTTAATTTT	3660
	CGTAGCCATT TTATTAATGG TAAGAAATAA GATTAAACCG TTTAAATTT TCGATAAAC	3720
	CAAGTATGAA AAGACTTATG TAGACGCTAA AGGTAAAACA TATCATTATA GTGTTCCACC	3780
25	ATTGTTTGCT TTTATTACAA CGTTTTTAAT TGGTATATTG ACAGGTTTAT TTGGTATTGG	3840
	AGGTGGCGCA CTAATGACGC CACTAATGCT TATTGTATTT AGATTTCCAC CTCATGTAGC	3900
30	TGTTGGAACA AGTATGATGA TGATTTTCTT TTCAAGTGTC ATGAGTTCTA TAGGGCACAT	3960
	TGCTCAAGGT CACGTAGCTT GGGGTATGTC AATCATTTTA ATTATTTCTA GTTATTTTGG	4020
	TGCGAAAATC GGTGTCAAAG TGAATCAATC AATTAAGTCA GATACGGTAG TAACATTATT	4080
35	GAGAACAGTA ATGTTGTTAA TGGGTATATA TTTAATTATT CGTGCCTTGA TTTAATACAA	4140
	CTTTAAAAGG AGGACGTCAA TTTGAGGCTT ACAATTTATC ATACGAACGA TATTCATAGT	4200
	CATTACATG AATACGAACG CATTAAAGCA TATATGGCAG AACATCGGCC ACGACTTAAT	4260
40	CATCCTTCTT TATATGTTGA TCTAGGTGAT CATGTAGATT TATCCGCACC TATAACTGAA	4320
	GCAACTTTAG GTAAAAAGAA TGTGGCATTG CTAAATGAAG CAAAATGTGA TGTGCAACA	4380
45	ATCGGTAATA ATGAAGGGAT GACCATTTC A TACGAAGCTT TAAATCACCT TTACGACGAA	4440
	GCAAAATTTA TAGTGACATG TAGCAATGTT ATAGATGAAT CAGGTCATTT ACCAAATAAT	4500
	ATCGTTTCTT CTTATATTAA GGACATAGAC GGTGTGAAAA TACTATTCGT TGCAGCGACA	4560
50	GCACCTTTTA CCCCATTTTA TCGTGCACTA AATTGGATTG TTACCGATCC ACTTGAATCT	4620
	ATAAAGAAG AAATTGAACT TCAACGAGGT AAATTTGATG TATTAATCGT GCTAAGTCAT	4680
55	TGTGGCATT TCTTCGATGA AACATTATGC CAAGAATTGC CTGAAATTGA TGTCATTTTT	4740

	GCAGCTGGAA AGTATGGTAA TTATCTTGGA GAGGTTAATT TAACTTTTGA GGCACATAAA	4860
	GTAGTACATA AAAGTCAAA GATTATTCCT TTAGAAACAT TACCTGAAGT TGAAACTTCA	4920
5	TTTGAAGAAG AAGGAAAAAC GTTAATGTCC AATTCAGTAA TTCAACATCC AGTAGTGCTT	4980
	AAGCGTAGTA TGAATCACAT AACTGAAGCT GCATACTTAT TAGCTCAAAG TGTGTTGTGAG	5040
	TATACACATG CACAATGTGC CATCATCAAT GCTGGCTTAC TCGTTAAAGA TATTGTAAAA	5100
10	GATGAAGTGA CAGAATATGA CATTATCAAA ATGTTACCGC ATCCGATTAA TATGGTAAGG	5160
	GTTAGACTTT TTGGTGTGAA ATTAAAGAG ATTATAGCTA AAAGTAATAA ACAAGAATAT	5220
15	ATGTATGAAC ATGCACAAGG TTTGGGTTTC AGAGGGAATA TATTTGGAGG ATATATTCTT	5280
	TATAATTTAG GGTACATTCA TTCTACAGGG CGTTACTATC TGAATGGAGA AGAAATCGAA	5340
	GACGACAAAG AATATGTACT AGGTACGATA GATATGTATA CGTTCGGTCG TTATTTCCCA	5400
20	ACATTGAAAG AATTACCAA AGAGTATTTA ATGCCAGAGT TTTTAAGAGA TATATTTAAA	5460
	GAAAAATTAT TGGAATATTA AAAAGTAAGA TTATTGGATT TTCATTGTG ATGAATTTTCG	5520
	ATATAATGTT TAAAGATACA CTTAACAGGA GGGTATGTGT TGTATGGCG AAAAAAACG	5580
25	AGGAAATATT ACGTAAACCG GATTGGTTGA AAATAAAATT AAATACCAAC GAAAACTATA	5640
	CAGGACTTAA GAAGATGATG AGGGAAAAAA ATCTTAATAC TGTATGTGAA GAAGCTAAAT	5700
	GTCCTAATAT ACATGAATGT TGGGGTGCAC GTCGTACAGC GACATTTATG ATTTTAGGTG	5760
30	CCGTATGTAC AAGAGCTTGT CGTTTTTGTG CGGTTAAGAC AGGTTTACCT AATGAACTTG	5820
	ATTTAAATGA GCCTGAACGT GTAGCTGAAT CAGTTGAATT AATGAATTTG AAACACGTTG	5880
35	TTATCACTGC TGTTGCGCGT GATGATTTAA GAGATGCTGG TTCAAATGTT TATGCTGAGA	5940
	CAGTACGTAA AGTTAGAGAA AGAAATCCAT TTACAACGAT TGAAATTTTA CCATCAGATA	6000
	TGGGCGGGGA CTATGATGCG TTAGAAACAT TAATGGCGTC AAGACCTGAC ATTTTAAACC	6060
40	ATAATATTGA AACTGTTCGT CGCTTAACAC CGAGAGTTTCG TGCGCGTGC ACTTACGACA	6120
	GAACATTAGA GTTTTTACGT CGTTCAAAAG AATTACAACC GGATATCCCA ACTAAATCAA	6180
	GTATTATGGT TGGATTAGGT GAACTATAG AAGAAATTTA TGAAACGATG GATGATTTAC	6240
45	GTGCGAATGA TGTAGATATT TTAACGATTG GTCAATATTT ACAACCTTCA CGTAAACATT	6300
	TAAAGGTTCA AAAATATTAC ACGCCTTTAG AGTTTGGTAA ATTAAGAAAA GTGGCAATGG	6360
50	ATAAAGGGTT TAAACATTGC CAAGCTGGAC CTTTAGTACG TAGTTCTTAT CATGCGGATG	6420
	AGCAAGTAAA TGAAGCTGCT AAAGAAAAGC AACGCCAAGG TGAGGCACAG TTAAATAGTT	6480
	AATATTTAAC CATTAAATAAG GCATAAAGGC TTAGTTTGTA CAAAACGAAC GTGTCATAGA	6540
55		

AGGTGAAGAA TTTGATAAAA GTAGATCAAC ATTACTTTGA ATTAATAGAA AATTATCGCG 6660
 AATGTTTTAA TGAAGAACAA TTTATTGCTA GGTATTCAGA TATTTTAGAT AAATATGATT 6720
 5 ACATAGTTGG TGAATATGGT TACGATCAAT TACGATTAAA AGGTTTTTAC AAAGATTCTA 6780
 ATAAAAAAGC AGAGATGAGT AAACGTTTTT CAAATATTCA AGATTACATA TTTGAATATT 6840
 GTAACTTTGG TTGTCCTTAC TTTGTATTAA GACATTTGTC TAAACAAGAG GTTAAAAAGT 6900
 10 TAATCGAAGA AGTTCATCCG TCTGATGTGA TAGATGACGA CAATAAACTT CAAGATGTGA 6960
 AGATTAAGCC AACCATTCAA GATACTGAAC ATTAATAAAA CCCTTAGCTA GATTGAAAAT 7020
 15 GGGAAATCATG CAATTCAAGC ATGGACCTGT AATCTAGTTA GGGGTTTTTA TCTTTAATGA 7080
 ATGACTTCAT TTAAATACTC AGTAATTTCA TCGCCTTCTT CAGCATTTAC ACCTAAAATA 7140
 TGAGCGATAT AGCCTTCTTC TTTTAAATCA TCAGTACCGA TAATACCGAA TTTATTTGTT 7200
 20 TGCATATTAA GTACGAGTGT CTTACCATAA TGTCTATTTG TATGGACTAA CATCAAATCA 7260
 TATCGACTAT GCTCGCCAAC AAAACCAACA AACTGAACTT GACTCTCTTC GTTGTCTATCA 7320
 TATAAATACA TATCAATCAT TTTGTAGCGA CTCCTTTTAA AAGTAGTAAA GTTAGTATAA 7380
 25 CGACAAATGA AGTATACTGC AAAATTATGA TAATATATAA GTGAGAGGTG ACAAGGAATG 7440
 TATTTTGTAG ACAAAGATAA ACTAACTCAG AAATTAGCCT ATTTACAAGC ATTAAGTATG 7500
 GATTATCATG AGAGCAAGCA CAATCATTAT GCATTTGAAC GCATTGCTCA AATGTTGATA 7560
 30 GAATCATCGG TAGATATAGG GAATATGATT ATCGATGCAT TTATTTTAAG GGATCCTGGT 7620
 AATTATAAAG ATGTGATTGA TATATTAGAA CTAGAAAATG TTATTACTAA AGAAACACAG 7680
 35 CAGGCGATTA ATAAACTGT CGGTATTCGT AAACAATTTA CATATGATTA CACAGCCTTA 7740
 GATGTTGAGA TTATCATGCC AATGTTTGA 7769

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 215:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 644 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 215:

ACCGCCACCC ATTAATGATT GCTTAAAATC AATAGTCGTA CCATTTAATA CGGGTGCATC 60
 TTTTTTGTCT ACTAATACTT TTAATCCAAA GTATTCTAAG ACTTCATCAT TTTCACCAGG 120
 CGCTTCTTCT GCACCCATAC CGTATGTTAA ACCAGTGCAC CCGCCACCAT TCACTTTAAT 180

TGCTTCTGTT AATATAACTG TTGGCATGAT AACTCCTCCT TAAAAAATCC AAGTTTCTTT 300
 TATATGTGCA TATATATTTT GTAATAATTC TTCCGGCGAA TCACCTTCAA CAATATCACC 360
 5 ATTTACTAAA GCATACAACC CGGCTGAACA TATACCACAA TGTGTCAGGC AACCATACTC 420
 TAACACATCG ACATCTGGGT CATTTTCCAG TTGATTAAAA ACATAATCTC CACCTTTTGC 480
 CATGTTAGAG AGACAAAATT CTACGATCGG ATTCATACTT CACCTTCTTA TTTCAATTGT 540
 10 TACAATATTA TAGCATTTTA AAAGTGGTAT TTTAACATGA TGTGCTCAAT TAGCAACAAC 600
 TGATGTTTCT TATCCAGTT ATGTAATAGT GCCTTAGTTA GTAC 644

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 216:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1578 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 216:

25 GAATGATGAA AGGAATAGAA AAGAAAAGAT AAATAATGTA ATAGATTTAT CCGAGAAAAT 60
 TGAAAGAACA AAAGATATGC CAATCAAGAA TACTATAACT ACTCAATTAG GAAATAAACT 120
 30 TATTGGCACA AAAAAAGCTC GTTTTGATGA TAAGAAAGTA GTGTCGTTTG GAGCATTTGA 180
 AGATGAATAA AATAAATGAT AGAGATTTAA CAGAATTGAG TAGCTATAGG GTTTATCAAG 240
 ACATCAATAA AGATAATGAC TTTACAGTTA ACGAAAAACG ATTTAAGCAG GCAGATGTAT 300
 35 TTGAAGATTT ATATAGAGAG AAAGTAAAAG ACACAAATAA ATTAAGAGAG TATAATTATT 360
 TACAAAATGA AACTTTTAAA AGCGCATAAA TAGGTGATGA GATATGCTTA AAAAAGCAAA 420
 ATTTATCTTA ATGGCAACGA TACTACTATC AGGATGTTCA ACTACCAATA ACGAATCCAA 480
 40 CAAAGAAACA AAATCTGTAC CAGAAGAAAT GGATGCTTCA AAATATGTAG GACAAGGATT 540
 CCAACCACT GCAGAAAAAG ATGCGATTGA ATTTGCAAAG AAGCATAAAG ATAAAATTGC 600
 45 TAAGCGAGGC GAACAATTTT TTATGGATAA CTTCGGTCTA AAAGTTAAAG CTACAAATGT 660
 TATAGGTAAGT GGCGATGGTG TAGAAGTATT CGTGCATTGT GATGACCACG AATATCGTATT 720
 TAATGCGAGT ATTCCATTTG ATAAATCAAT WATTGAsAGT GATAGCTCAT TAAGAAGTtA 780
 50 GGAYAAAGgy GATGATATGA GTACTTTAGT TGGTGCACTA CTCAGTGGGT TTGAATATCG 840
 AGCACAAAAA GAAAAATATG ATAAATTATA TAAATTTTTC AAAGATAATG AAGAGAAATA 900
 TCAATATACA GGATTTACAA AAGAAGCAAT TAATAAGACG CAAAATAGTG GTTATGAAAA 960

ACCATTGTTA AACAAAAGTG ACAGTGAATT TTCAAAAGAA TTGTCAAATG TTAAGAAGCA 1080
 ATTAAAAGAT AAGTCTAAAG TTTCCGGTAAC TACTACTCTA TTTAGTAAAA AAAAGAACTA 1140
 TACTAAAAAA AGTAACAGTG AAAATGTAAT AAAAATGGCA GAAGAAATAA AAAAAGATAA 1200
 AGAGATACCA AACGGTATAG AGCTTAGTAT AAAATTTTCG GACAATAAAA TAAATACGGT 1260
 TAAACCAAAT TTTAACGGTG aAAGCACTTC AGAATATGGT GTGTTTGATC AAGAATAAAA 1320
 TTAATGATGa AAATTTAACG GAGAATAGTG TATATTGAGT AGATCmAGAA TAAAAAGATA 1380
 ATTCTACTAT TGTGTGAAG GCAAATAAGT AGAAGATTTT AAGTGTAATT TCTGGTGATT 1440
 TAAATAATAA TATAnATGGn AGTACTGATA TAAnACTTTT TAACCTACTA GATTCTTATA 1500
 ATTTGCTTTC CATTTTATGA CGATTTTAC TCCAATTGAG TGATAGAATC CAAAAAGCC 1560
 ATCTCCAAAA ATTAATCC 1578

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 217:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 5137 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 217:

TGTTTTCCTT GGGTTAAAC ATGCTTGCTA TCGGTTTGTA AATATGACTT GCTGTTTnA 60
 CCTGnATACC CGTCACACCA TGGAAGTAAA AATGTTTCTT GCTCTTGGCT TACAATTTTA 120
 GCTTTAATCG CTTCATATGC TTTATATTGG TCTTCTGTTA ATTGCTGTTT TGATTCTTGT 180
 TCGAAAACAC GATCTTTAAA TGGGTCTCTT TCAACAACCG CGTCATATTT TTCAACATAA 240
 CCTTFTTTGA TAAGTCCATC TAACTGGAT TTTGAAAAGC CCATATCCTC AATATCAGTT 300
 AAAAATATTG TTTTATGTTG TTCTTCAGAC AAGTAAGCAT ACAAATCGTA TTGTTTAATA 360
 ACTTTCTCCA ACTTAGCTAA TACTTCATCA GGATGATACC CTTCAATGAC ACGAACAGCA 420
 CGCTTGGTTT TTTTAGTTAT ATTTTGTGTG AGAATCGTTT TTTCTTCAAC GATATCATCT 480
 TTTAACAAC TcATAAGCAA TTGAATATCA TTATTTTTTT GCGCATCTTT ATAATAATAG 540
 TAACCATGCT TATCAAATTT TTGTAATAAA GCTGAAGGTA GCTCTATGTC ATCTTTCATC 600
 TTAAATGCTT TTTTATACTT CGCTTTAATA GCACTCGGAA GCATCACTTC TAGCATAGAA 660
 ATACGTTTAA TGACATGAGT TGAACCCATC CACTCACTTA AAGCTATTAA TTCTGATGTT 720
 AATTCTGGTT GTATATCTTT CACTTCTATG ATTTTTTTTA ACTTCGAAAC GTCAAGTTGT 780

	ACAATTACAC GCACACCAGG TTGGATGACA GATTCGAGTT GTTCGGGAAT TATATAATCA	900
	AATTTATAGT CAACGCTCTT CGACGCGACA TCGACTATGA CTTTCGCTAT CATTATTGCC	960
5	ACCTAGTTTC TAGTTCATCT AAAATTTGTG CAGCTAATAC TACTTTTTTT CCTTCTTGA	1020
	TATTTACTTT TTCATTATTT TTAAAATGCA TTGTCAATTC ATTATCATCA GAACTAAATC	1080
10	CGATAGACAT ATCCCCAACA TTATTTGAAA TAATCACATC TGCATTTTTT TGCGTAATT	1140
	TTTGTGTGTC ATAATTTTCA ATATCTTCAG TCTCTGCTGC AAAGCCTATT AAATACTGTG	1200
	ATGTTTTATG TTCACCTAAA TATTTAAGAA TGTCTTTAGT ACGTTTAAAA GATACTGACA	1260
15	AATCACCATC CTGCTTTTTT ATCTTATGTT CTAATACATC AACCGGTGTA TAGTCAGATA	1320
	CGGCTGCTGC TTTTACAACA ATATCTTGTT CGTCAAATCG GCTTGTCAC TGTTCAAACA	1380
	TTTCTTCAGC ACTTTGAACA TGAATAACTT CAATATCTTT TGGATCCTCT AGTGTGTAG	1440
20	GACCAGCAAC TAACGTCACG ATAGCTCCTC GATTTTCGCA TGCTTCAGCT ATTGCATAGC	1500
	CCATTTTCC AGAAGAACGA TTGGATACAA ATCTGACTGG ATCGATAACT TCAATAGTTG	1560
25	GTCCTGCTGT AACCAATGCG CGTTTATCTT GAAATGAACT ATTAGCTAAA CGATTACTAT	1620
	TTTGAAAATG AGCATCAATT ACAGAAACGA TTTGAAGCGG TTCTTCCATA CGTCCTTTAG	1680
	CAACATAACC ACATGCTAGA AATCCGCTTC CTGGTTCGAT AAAATGATAC CCATCTTCTT	1740
30	TTAAAATATT AATATTTTGC TCGGTACGTT TATTTTCATA CATATGCACA TTCATAGCAG	1800
	GCGCAATAAA TTTGCGGTGC TCTGTTGCTA GCAACGTTGA TGTCACCAAA TCATCAGCAA	1860
	TACCTACACT CAATTTTGCA ATTGTATTTG CCGTTGCAGG TGCAACAATG ATTGCATCTG	1920
35	CCCAATCACC TAATGCAATA TGCTGTATTT CTGAAGGATT TTCTTCTATA AAAGTATCTG	1980
	TATAAACAGC ATTTGACTT ATTGCTTGAA ATGCTAATGG TGTCACAAAT TTTGTGCGT	2040
40	GATTGTTAA CATAACGCGA ACTTCATACC CAGATTGTGT TAACTTACTT GTCAAATCAA	2100
	TTGCTTTATA TGCCGCAATG CCACCTGTAA CGGCTAATAA TATTTTCTTC ATATTCAATC	2160
	TCCCTTAAAT ATCACTATGA CATTTACGCT TTACATCATC ATATGCGCAC AAATGCTCAT	2220
45	TACTTTTTTA TAGATACAAA TTTAGTATTA TTATAACATC AATCATTGGA TAAACTAAAA	2280
	AAACACACCT ACATAGGTGC GTTTGATTTG GATATGCCTT GACGTATTTG ATGTACGTCT	2340
	AGCTTCACAT ATTTTAAATG GTCGAAACTA TTCTTTACCA TAATAATCAC TTGAAATAAC	2400
50	AGGGCGAATT TTACCGTCAG CAATTTCTTC TAACGCTCTA CCAACTGGTT TAAATGAATG	2460
	ATATTCACCT AATAATTCAG TTTGAGTTG TTCATCAATT TCACGCGCTC TTTTCGCTGC	2520
55	AGTTGTTGCA ATTAAATACT TTGATTTAAT TTGTGACGTT aATTGGTTtA AAgGTGGATT	2580

	TTTA _r GTG _c T CAGCTTCTAC AATACATTGA ATTCTATTCTy TCG _c AAG _t TC TACTTCAT _c CA	2700
	TTAACTACAA cGTAAyCGTA TAAATTTCATC ATTTCTrACTT CTkTACGCGC yTCGTTAATA	2760
5	CGACTTTGTA TTTTCTCATC AGATTCTGTT CCTCTACCTA CTAATCGCTC TCTCAAGTGT	2820
	TCTAAACTTG GAGGTGCTAA GAAAATAAAT AGCGCATCTG GAAATTTCTT TCTAACTTGC	2880
10	TTTGCACTT CTACTTCAAT TTCTAAAAAT ACATCATGAC CTtCGTCCAT TGTATCTTTA	2940
	ACATATTGAA CTGGTGTACC ATAATAGTTG CCTACATATT CAGCATATTC TATAAATTGG	3000
	TCATCTTTGA TTAAAGCTTC AAACGCATCC CTAGTTTTAA AAAAGTAATC TACGCCATCA	3060
15	ACTTCACCTT CACGCATTTG ACGTGTGTG ATTGAAATAG AATACTTATA TGATGTACTT	3120
	GGATCTTCAA ATATnCGTnT TCTAACAGTA CCTTTACCTA CTCCAGATGG TCCTGATAAA	3180
	ACGATTAACA ATCCTTTTTT ATTATCCATG CCTTACGACC TCTCTAAGCT AATCTTCTAT	3240
20	TATTTAAATA TGATATCACA TTGTTCTTTA TATTGTATAG CATATTTGAA ATTGCATGCC	3300
	ATAATTTCTA TTAAGTCTAA CAATATCGTT ATATTGCACG ATTAATTTTA ATTAAATAAA	3360
	TTGAATTGCA AACTTTTAGA TAATGTAAAA TGTATGGCAT AATGTATGGT TCAATAACTA	3420
25	TACTGAAAAG TTACAATCAT GTTAAATGA AACGAATGAT ATGAAGAAGG TGGAAGATAA	3480
	ATTATGGCTT ATGATGGCTT ATTTACAAAG AAAATGGTTG AGTCTCTACA ATTTTTAACA	3540
30	ACAGGACGTG TTCACAAAAT CAATCAACCT GATAATGACA CGATACTAAT GGTGTGACGT	3600
	CAAAATAGAC AAAACCATCA ATTGTTATTG TCAATCCATC CAACTTTTC AAGATTACAA	3660
	TTGACTACTA AAAAATATGA TAATCCATTT AATCCACCCA TGTTTGCGCG TGTTTTTAGA	3720
35	AAACACTTAG AAGGTGGTAT TATCGAATCG ATTAAGCAAA TTGGTAATGA TCGTCGCATT	3780
	GAAATCGATA TAAAGAGTAA AGATGAAATT GGCGATACTA TTTACCGCAC TGTCATCCTT	3840
	GAGAT ⁺ TATGG GTAAACATAG TAACTTAATT TTAGTAGATG AAAATCGCAA AATAATTGAA	3900
40	GGATTTAAC ACTTAACACC AAATACGAAT CACTATCGTA CAGTAATGCC AGGATTTAAT	3960
	TATGAAGCAC CACCTACTCA GCACAAAATA AATCCGTATG ATATTACAGG TGCAGAGGTG	4020
45	TTGAAATATA TCGATTTTAA CGCAGGTAAT ATTGCTAAAC AATTATTGAA TCAGTTTGAA	4080
	GGATTTAGCC CTTTAATTAC GAATGAAATC GTTAGTCGTC GTCAATTTAT GACTTCATCA	4140
	ACATTACCAG AAGCATTTGA CGAAGTAATG GCAGAAACCA AGTTACCACC TACTCCTATT	4200
50	TTTCATAAAA ATCATGAAAC AGGTAAAGAG GATTTCTATT TTATAAAGTT AAATCAATTT	4260
	AATGATGATA CAGTTACATA CGATTCATTA AATGATTTGC TTGATCGTTT TTATGATGCG	4320
55	CGTGGCGAAC GTGAACGCGT TAAACAACGT GCGAATGATT TAGTTCGATT TGTTCAACAG	4380

ATAAAGATAC TGAACAGTTA TATGGTGAAT TGATCACTGC TAATATATAT CGAATTAAGC 4500
 AAGGCGATAA AGAAGTGACG GCATTGAATT ATTATACGAA TGAAGAAGTT GTCATTCCTT 4560
 5 TAAATCCTAC AAAATCCCCA TCAGCAAATG CTCAATATTA TTATAAACAA TATAAycGTA 4620
 TGAAAACGAG AGAmCGTGAA TTACAACATC AAATTCAATT GACGAAAGAC AATATAGATT 4680
 10 ATTTTTCAAC AATCGAACAA CAATTACATC ATATTCTGT CCATGACATT GATGAAATTA 4740
 GAGATGAATT AGCAGAACAA GGCTTTATGA AACAGCGTAA AAATCAAAC TAAAGAAAAGA 4800
 AAGCGCAGAT TCAATTACAA CATTATGTAT CAACTGATGG CGACGATATA TATGTTGGTA 4860
 15 AGAATAACAA GCAAAATGAT TATTTAACAA ATAAAAAGC TAAAAAACT CACACATGGT 4920
 tACACACAAA AGATATTCCT GGTTCACATG TCGTTATATT TAATGATGCA CCAAGTGATA 4980
 CGACAATCAA GGAAGCGGCT ATGTTAGCAG GATACTTTTC AAAAGCTGGT AATTCTGGAC 5040
 20 AAATACCTGT TGATTATACA TTAATTAAAA ATGTGCATAA ACCATCaGGT GCAAAGCCTG 5100
 GGTTTGTAAC ATATGACAAT CAAAAAACTT TGTATGC 5137

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 218:

(1) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 2267 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 218:

GTTTTATCGC AGCAGTAAAG CTATCAATCG GCGGTTCAAT TGATGATGCA TTAGCAGAAA 60
 TCAnACAATC ATTTTAGTTA AAATTTACTA ATAATGAaAA ATGTAAACCT TTTTCAAATG 120
 AAAC⁻TTATa AaAAATATGA TAGTATATAT GTAAATGTTT AATAAAATCT GGAGAAATAG 180
 40 GAGGACATTG CCATGCAACA CCTTATAAAA AAACATGTAT TGAATGGCGA GTTTGATTTA 240
 GTACGACAAT TGATGTCCGA AACAGATTTT ATGGAATTTG AAGAAGCATA TATTTCAAGT 300
 GCGCATGAAG TAGAAAGTAT GATGTTTTAT ACATGTATTT TAGATATGAT TAAGTACGAA 360
 GAATCATCTG AAATGCATGA CTTAGCATTT TTATTGCTTG TGTATCCACT AAGTGAATAT 420
 GAAGGTGCTT TGGATTCTGC TTATTATCAT GCAGACGCTT CCATAAACT TACTGACGGC 480
 50 AAAGAAGTTA AAAGTTTGTT ACAAATGTTA TTATTGCATG CGATACCAAC ACCTGTTATT 540
 TCAGATAAGA AGGCTTTTGA TATCGCCAAG CAAATTTTAA AATTAGATCC TAATAATAAT 600
 GTTGCTCGTA ACGTCTTAAA AGACACTGCC AAACGTATGc gACAaCGTTG TTGTTGATAT 660

AGTTTAAACA TTTGGTTGGG TTGGGCATAT GTTCCAGCCT TTTTAATAC TTAAAACTA 780
 ACGAAGTATA CTTGTGTGCA CAAATGGTTT TTATAACA TTTTATAAAT TTATACATTT 840
 5 TAATAAAGAA CATACGATAG ATGGTTTAAA CCTTGTTAAC TGAGAAATTT TGATATGTAT 900
 TCTTCGAAAT TTAATAAAT ATACGAAATT CAAGAAGCAC AATAATTAAT CATTTTTCCT 960
 10 ATACAAAAGT TCGTATGACT GCATTATAAA AGCATAAATT TATAATTTTT TTAAATGTCA 1020
 TTGAACGTGA TAATGTGAAT GGATTGAGCA ATTTTGAAAA AGTGAAAAAT AACCTATGCG 1080
 ACTTGCAATT AATTTTCAGT ACGTTATAAT GCACACTGTG CAAAATTAAG GAGGTCTATT 1140
 15 ATTCACATGA TGATGAaTAA AGAAGCAACA AAAATTGGAT TTGCCTACGT CGGCATTGTA 1200
 GTGGGCGCAG gATTTTCAAC TGGACAAGAA GTTATGCAAT TTTTCACTAA ATATGGCTTG 1260
 TGGGCTTATT TAGGTGTTAT TATATCTGGT TTTATTTTAG CTTTATTGG GCGCCAAGTA 1320
 20 GCAAAAATTG GTACTGCCTT TGAAGCGACA AATCATGAAT CAACATTACA ATACGTATTC 1380
 GGTGAAAAGT TTAGTAAAGT CTTTGaTTAT ATTTTAATCT TCTTCTTATT TGGTATAGCT 1440
 GTAACCATGC tAGCTGGTGC AGGCGCAACA TTTGAAGAAA GTTATAACAT ACCTACATGG 1500
 25 CTAGGTGCTT TaATTATGaC ATTAGCGATT TATATTACGT TGCKATTAGA CTTTAATAAA 1560
 ATAGTACGTG CACTAGGTAT CGTTACACCA TTTTAAATTG TTTTAGTTGT ATTAATCGCT 1620
 30 GGCGTTTATT tATTTAAAGG TCATGtTTCA TTAGCAGAAG TTAACCAAGT AGTGCctGAA 1680
 GCAAGTATTT GGAAGGGAAT CTGGTTTGGT ACAATATATG GTGGATTAGC TTTTCTGTGA 1740
 GGTTTTAGTA CCATCGTAGC AATCnGTGGG GATACTGAAA AGCGTACAGT GTCAGGTGCA 1800
 35 GGCGCGATGT ATGGTGGTAT TATCTATACT GTATTACTAG CATTGATCAA CTTTGcATTG 1860
 CAAGTGaATA TCCAACtATT AAAATGCCT CAATTCCTAC ATTGACGTTA GCAAATAATA 1920
 TCCATcCTTT AATAGCAACA GTGktATCTG TTATTATGCT GGCGGktATG TATAATACTA 1980
 40 TTCTAGGACT AATGTATTCA TTTGCAGCAC GTTTTACAGA ACCATACAGT AAAAATTATC 2040
 ATATCTTTAT TATTATAATG ATGGTAGCAG GTTATTTATT AAGTTnCGTA GGATTTGCTG 2100
 45 AATTAATTAA TAAGTTATAT ACnATTtATG GGATATGTAG GCTTATTnTA TTGTAGTAGC 2160
 TGTAATTATn AAATATTTCC AAACGTAAAA ATGGCGGATA AAAACATAT TGCTTTAATA 2220
 TCATATGGAG GGGATATCCG AAACtTTACA ATTTGAATCA CTTTGGT 2267

50 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 219:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 6336 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 55 (C) STRANDEDNESS: double

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 219:

5	GTCAATGTAA CCTAATAGTT TATGTCTATC TTGTGTACCA ACTACTACAT CGACACCAGG	60
	AATTTCCATA ATTTTCAGCTG ATGAAGTTTG CGCATAACAA CCTGTTACAC AGATTACAGC	120
	ATCAGGATTT TGTCTTATTG CACGTCTAAT TATTTGACGA CTTTTTTTAT CACCCGTATT	180
10	CGTTACTGTA CAAGTATTAA TAACAAATAC ATCAGCATTC GCTTCAAAGT CAACGCGCTC	240
	ATAGTTTGCT TCTTTAAATA ATTGCCAGAT TGCTTCAGTT TCATAATGGT TTACTTTACA	300
15	ACCTAATGTG TGaACGCAAC TGTTGACATA AATATTCACC CCATTAATTC TTTTTCATAA	360
	CTTATTGCAC TTAACGCATA CAATGGCGCA GTTCTGCCC GTAAAATTCT CGGCCCAAGA	420
	CCAACAAC TG TACTAGTATT ACTAAATAAT GAAATTTTCT TTTCTGACAA ACCACCCTCA	480
20	GGaCCAAAA TCATCAACAC TTTATCCTGA GCATTGAATT GTTGTAAGT TTGCTTGAAA	540
	TTGCTTAACT CACCATCTTT TGCTTCCTCT TCATATGCAA TAAGAATATA GTCATAATTA	600
	TCAATAGTAT CACAAATTAA TTTTAAATTC GACTCGAATT GAATAGATGG AATCACTAAA	660
25	CGATAGCTTT GTTCAGCAGC TTCTTTAATT ATTTTGTGCC AACGCTCTAT CTTTTTGGCA	720
	ACTTTTGCTT CGTTTAATTT AACAAATTGAA CGTTCCATGC TCACAGCTAT AAATGATGAA	780
	GCACCCAATT CAGTAGCTTT TTGTAGCAAC CACTCATATT TGTCAGCTTT GATTAGTCCA	840
30	CTGCAAATCG TAACATCAAC TGGCAATTCT GTATTAATAT TTTGTTTTTC TTTTAAATCA	900
	ACTTCAATTT TATCACTTGT TATGTCAGCA ATTTACATA AATAAACTGT TTGATCATT	960
35	AAAGTTAAAA TAATTTTACT ACCAACATCA TATCTCATT CATTGTAT ATGATGAATA	1020
	TCTTCTTTT TTGTAATAAA AAAACGCTGA CTTACATCAG CGTTTGGnT CTATGAAATA	1080
	ACGTGTCACA TTATTCATC ACTTTCTGGC CAACAAGACA AACCCAACCG TTGTCATGTT	1140
40	GTTCTGAAAT AATTTTAAAA CCTACACGCT CCATATGTGA CTGTATACCT TCATACTTCT	1200
	CTTTTATAAT ACCAGAAGTA ATAAAATAAC CGCCTTCATT TAGAGTATTA TAAGCATCTT	1260
45	CAATCATTTT ATCAATAATA TGCGCTAAAA TATTGCTAT TACAATATCA AATTTTCTG	1320
	TTTCGTCTTT CAATAAGTTA CCTGGAACAG CTTCAATTAA CGTTTCACAA TGATTCTTCT	1380
	TGAAGTTTTC TTTAGCTACA CTCCTGCCA TTTCATCAAT ATCCAACGCT TTAATACGTT	1440
50	TTACACCGAT TAGATGACTT GCAATACTTA ATATACCTGA GCCAGTACCA ACATCAATTA	1500
	CTGAATGCTG TGGCAATACA TATGTTTCTA TTGCTTCAA ACACATACTT GTAGTCGGAT	1560
55	GATCACCTGT TCCAAAAGCC ATACCTGGGT CGAGCTCAAT GCAAAGCTCT TCATCCGCTT	1620

	GGAAATAGTT TTTCCATTCA TTTTCCCAAT CCGTCTCTGC AATAATTTGC TCACTGAATT	1740
	GAACGTTATG TTGATCAAGT TCATCTAAAT TTAATAACTC ATCTTTAATT TGCTGTGCGA	1800
5	ACTTATCATC ATAAGTCATT TCATTAAAT AGGCTTTCAA TCTTACTCCC TTATCTGGAT	1860
	AATCCTCTTT TTTCAAAGCG TAAATTTAC CGTATTTATC TTCTGGTTGG TTAATTAAAT	1920
10	CATCTGAATC TTCTATCAG ACACCATTG ATCCATGATT TTCAAGTATA TTGGTAGCCA	1980
	ATTCTACTGC TTCATGATTA ATAATAATTG AAAGCTCTGT CCAGTTCATA CTTTATTCTC	2040
	CCTTAAAGAA TCTTTTGTCT CTATCTTAA AATTCGAAGG TTGTTCAATTA ATTTCTTCAC	2100
15	CATTTAATTG GGCAAATTCT TTCATTAGTT CTTTTGTCT ATCTGTTAAT TTAGTAGGCG	2160
	TTACTACTTT AATATCAACA TATAAATCTC CGTATCCATA GCCATGAACA TTTTTTATAC	2220
	CCTTTCTTT TAAGCGGAAT TGCTTACCTG TTTGTGTACC AGCAGGGATT GTTAACATAA	2280
20	CTTCATTATT TAATGTTGGT ATTTTTATTT CATCGCCTAA AGCTGCTTGT GGGAAGCTAA	2340
	CATTTAATTT GTAATAAATA TCATCACCAT CACGTTTAAA TGTTTCAGAT GGTTTAACTC	2400
	TAAATACTAC GTATAAATCA CCAGCAGGTC CTCCATTAC GCCTGGAGAG CCTTCACCAG	2460
25	CTAATCTAAT TTGTGTTCA TTGTCGACAC CTTCAGGTAC TTTCACTTCT AATTTAACTG	2520
	TTTTATTTTC AGTACCTTTT CCGTGACATG TTGGACAAGC TTCTTCAAAT TCTTGACCAC	2580
30	TTCCATTACA TTTAGGACAA ACTTGTTTCTG TACGAACTCT ACCTAAAATT GTGTTTTGTT	2640
	CTACAGCTAC ATGACCAGCG CCATTACAGT AACTACAAGT CTTTTTACTT GTTCCAGGCT	2700
	TTGCACCATC ACCATGACAT GTTTCGCATG TTACATCTTT ACGGATTGAA ATTTCTTTTG	2760
35	TTGTACCAA TACCCTTCT TCAAATGTTA ATGTCATTGT ATACTGAAGA TCATCACCTT	2820
	TTGCGGTGC ATTTGGATCT CTTTGTCTGC CGCCACCGAA GAAAGAGCTA AAGATATCTT	2880
	CAAAAGCGCC GCCACCGAAG CCACTAAAAC CGCCAAAGTC AGAGCCATTG AATCCTTGTC	2940
40	CACCAAAACC TTGTGGACCA TCATGTCCAA ATTGATCATA GCTTGCGCGT TTATTATCAT	3000
	CACCTAAAAC TTCATAGGCT TCAGAAATTT CTTTAAACTT TTCATCTGCA CCTTCTTCTT	3060
45	TGTTAATATC TGGATGATAT TTTTTCGAAA GCTTTCGATA CGCTTTTTTG ATTTCATCTT	3120
	TTGAAGCATC CTTACTAATG CCTAAAACCT CATAATAATC TCTTTTGGCC ACAGCTATCT	3180
	CTCCTTTTCT TAATTAACTC ATATAGTTTA ACGTAATATG TCATACTATC CAAATAAAAA	3240
50	GCCAAAGCCA ATGTTCTATT GACTTTGACT TTTGAGATCA TGACAACATT CTAATTGTAT	3300
	TGTTTAATTA TTTTGTGTCG TCGTCTTTTA CTCTTTTAAA TTCAGCATCT TCTACAGTAC	3360
55	TATCATTGTT TTGACCAGCA TTAGCACCTT GTGCTTGTG TTGCTGTTGA GCCGCTTGCT	3420

	TATCTTCTAT ATCTTGACCT TCTAAAGCAG TTTTAAGAGC GTCTTTTTTC TCTTCAGCAG	3540
5	ATTTTTTATC TTCTTCACCG ATATTTTCGC CTAAATCAGT TAAAGTTTTT TCAACTTGGA	3600
	ATACTAGACT GTCAGCTTCG TTTCTTAAGT CTACTTCTTC ACGACGTTTT TTATCTGCTT	3660
	CAGCGTTAAC TTCAGCATCT TTTACCATAC GGTGCGATTTC TTCGTCTGAT AATGAAGAAC	3720
10	TTGATTGAAT TGTAATTCTT TGTTCTTTAT TTGTACCTAA GTCTTTTGCA GTTACATTTA	3780
	CAATACCGTT TTTATCGATA TCAAACGTTA CTTCAATTG AGGTTTACCA CGTTCAGCTG	3840
	GTGGAATATC AGTCAATTGG AATCTACCAA GTGTTTTATT ATCCGCAGCC ATTGGACGTT	3900
15	CACCTTGTA TACGTGTACA TCTACTGATG GTTGATTATC TACTGCTGTT GAATAGATTT	3960
	GAGATTTAGA TGTAGGAATC GTAGTGTTAC GTTCAATTAA CGTATTCTA CGTCCACCTA	4020
	AAATTTCAAT ACCTAAAGAT AGTGGTGTTA CGTCTAATAA TACTACGTCT TTAACGTCAC	4080
20	CTGTGATAAC GCCACCTTGG ATTGCAGCTC CCATTGCCAC TACTTCGTCC GGGTTTACTC	4140
	CTTTGTTAGG CTCTTTACCG ATTTCTTTTT TGACAGCTTC TTGTACTGCT GGAATACGAG	4200
25	TTGATCCACC AACTAAGATA ACTTCATCGA TATCTGAGTT TGTTAAGCCA GCGTCTTTCA	4260
	TTGCTTGCGG TGTAGGTTCC ATTGTTCTTC TAATTAATGA ATCTGATAAT TCTTCAAATT	4320
	TAGAACGAGT TAAGTTTACT TCTAAGTGTA ATGGACCGTT TTCACCAGCT GAGATAAATG	4380
30	GTAATGAGAT TTGAGTTTGT GATACACCTG ATAAGTCTTT TTTAGCTTTT TCAGCAGCAT	4440
	CTTTCAAACG TTGTAATGCC ATTTTATCTT GAGATAAGTC TACGCCATTT TCTTTTTTGA	4500
	ATTCTGCAAC TAGGTAGTCA ATAATTACTT GGTCAAAATC ATCACCGCCA AGTTTGTTGT	4560
35	CACCGGCTGT TGATAGTACT TCGAATACAC CGTCACCTAA TTCTAGGATA GATACGTCAA	4620
	ATGTACCGCC ACCTAAGTCA AAAACAAGAA CTTTTTCATC TTTATCAGTT TTGTCTAAAC	4680
	CATATGCTAA TGCTGCAGCT GTTGGTTTCAT TAATGATACG CTCAACTTCT AAACCAGCAA	4740
40	TTTTACCAGC ATCTTTAGTT GCTTGACGTT CAGCATCGTT AAAGTATGCA GGTACTGTAA	4800
	TTACAGCTTT GTCAACTTTC TCACCTAAaA TAgtTTTCAGC TGTATTTTTT AAGTTTTGTA	4860
45	AAATCATAGC TGAGATTCTT TGTGGTGTGT ATGATTTACC TTCAATATCT ACTTTATAAT	4920
	CAGTACCCAT ATGACGTTTA ATAGATTGAA CAGTGTGTTG GTTGTAATA GCTTGACGTT	4980
	TTGCTACTTC aCCAACTTGA GTTCTCCAT TTTTGAAAGC TACAACAGAT GGTGTTGTAC	5040
50	GTGAACcTTC AGGGTTTTGA ATTACTTTTG GCTCATCGCC TTCTAATAcT GThACACATG	5100
	AATTTGTTGT ACCTAAGTCT ATACCAATAA TTTTACTCAT AATAAAATTC CTCCATTTAA	5160
55	TCATTAAATT AATTTAATTT TAAACAATGT CTTTTCGCCA AATTTAAGTT ATTGGTTTAC	5220

AGTGATTTTCG CCAGATTCAA AATCAGGGTT ATCATCTTGA ACTACAGCTT GGTGAATATT 5340
 TGGATCAAAT GCTTCACCTT CAGTTTAAAT AACTTCAAGA CCATTATCTT TTAGTGCGTT 5400
 5 AATCAAACCTT TCATGCACCA TTTGTACACC TTTTGAAGA GATTTAAAAG TCTCATCATC 5460
 ACCTTCAATT TGAAGTGCAC GTTCTATATT GTCTATTGCT GGTAAAATAT CTGTTAACAC 5520
 10 ACGTTGTGCT TGATATGTTT TGTATTATTC ATTTTCTTTT TGAATTCTAC GCTTATAATT 5580
 TTCAAACCTCA GCGTAGAGCC TTAAATATTT CTCTTCGTTT TCATCTGCTA ATTGTTGAAG 5640
 TTCATTAAATT TTTTGATCTT TTGGATCTAT TTCTTCAATA ACATTCTCGT CAGACGTTTC 5700
 15 TTCTATTGCT TCATCTTGTA AATGACCTTT ACTTTCTTCA GCTTGTTCOA CTGAATCATC 5760
 AATATTTTGT TTGACGTTTG TTTCTTCAAC TGTGATTCA GTGTTTTTTT CAACTGATTC 5820
 GTCCTTATTT GTCAATTTCT GTCCTCCAAT ACTTTCTAAT CCATCATTAC CAAATCTAT 5880
 20 TTAATAATTG AATGACATTT TGATAATGCA TAGCTGTAGG TCCAATCACA GCGATTGAC 5940
 CTTTAAACGT TTCATCAAAA TGATATTGAC TTGTTACAAT TGAAATATCA CTTAAGCTGT 6000
 CATCAATTTT ATTACCAATT TTTACATTAA TATTTGGTGA AGATATATCT TGTAAATAATT 6060
 25 CTGCAATTCT ATTTGATTCT ATATATTGTA GAATGGGCTG AATTGAAGAT ACATTACTTT 6120
 CATTCAATGC ATCAATAAGT TTAACCTTTC CACCCATATA AATGCTATTA CTTTGATTAG 6180
 AAATATGATT ATTCATCGTA TTTAACAATT TATTGATAAA AATTCTTCC TGCTCTGATT 6240
 30 GAACAAAAGA GACAAATATCA TCTTGTAAT TCTGATTAAA CTCAGTTAGT TTGTTTGTA 6300
 CAAAATTTGA TATTGTATTT AGTTTGTCAT TATTAA 6336

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 220:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 13059 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 220:

TTCATGATTA TTATCTGTTG TAGACACTGC TGGATCTTCC GATGTATCTT TCGATGCATC 60
 TTTGATTTG TGTATTTGCT GATTCAAATG GTCTAGGTCT TCTAACGCCT TATTTACCAT 120
 50 TGCTTCATCA TTTTATCAT CTTTCTTCC ATGTTTGTG GTAGCCGTTT GTGACATATC 180
 ATTTTTCATT GCATTAAGAT CGTCCTCGCC ACTTTGTGA CCCCTATCAA CATTGAAGA 240
 AACCTCATTT AAATCTTTAA GCAATTGATC TAATTTACTG TCTATATCAC TTTGACCGTT 300

	TTCATCTATT TGCGATGCTG TTTTCGCTTC ATTTAGTTGT GCTTTATAAT GTTCTTTAGA	420
5	TGAAGCCGAT AACTGTTTTA ATTGCTCAAT TTGACGAATT GCCTTGTCAG CTTTGTCTAA	480
	TAAATCTTGC TTAGATAATA TCTCTTTTGT AATTTTCAGTA TCCTTTTCAG ATGCAGCTTG	540
	GGCATCGTAC GGCAAGATAT TCGTTAAAAT GATACTTGTC GCCATCATTG TCGAACACGA	600
10	TAACTTTACA TATAATTGAA ACGGTTTCCC TCGATATTTA GCCATCAACA TACTCCTTCC	660
	TCACTTACTT CCTTCAAAGA ATTACATACT ATTATATACC TGTTTACAAG AAATTTACAC	720
	TTATCTATCT AGTTATTGTT GTTAGTAATT ATCTACTTAT TACTTAGCTT ATATTTAAGT	780
15	AAACAAAACA AGCATGACGT AATATCATAT TGTCCATGTC GCTAACATCA TATTACGTCA	840
	AATCTTTTAT ATTAAATGAT GTTTTATTTT AGACTGCTTT TTCCTTTTAG CTTTCGAGCG	900
20	CCTGTTTTAA AACITGCTCG AATTGTTTAC GCGAGATTTT GTGTGCATGT GCTTTTTGTG	960
	CTAATAAAGC ATCTCGAAAC TGTTGTTGAT CTTTCAAACCT TTCTAACATT TGTATTAATT	1020
	GGTCTTTACT TTCCATTGTT ATCTCATCAT TATGCTCAAA TAAGTGCTCT GATAATGTTA	1080
25	CTTTAGCATG GTGTGCGGTT TGACGATAAC CTAAAATCAA CAACTCATAG TCAAACGCTT	1140
	GTTCCACCGC ATTTAAAATT TCATTACCCT CATTGATATC AAGATAAATA TCACATAACT	1200
	GGTATAGTTC ATTTACCCTG TCAATATTAA TAGATGGGTA TAAATGCACA TTAGCATATT	1260
30	GATCAAGTTG CATTAGCTTA TCAGACATCT CTGTAATAGC AGCGATGTGn AACTTAAAAT	1320
	CTGGTAAAGt TyCAACCAAT ACCTTGATGT TACGAatTGa TCCgAGTTAG TTAATATTAC	1380
	AATTTCTTTA GTATATCTAT TACGACTACG ATAGTTATAT AGATATCCGC CTTGTAAAAT	1440
35	ACGAGATTGA ACCTTTGCGT CTGCTATATT GAGCATCGTT TCATATTCGT TTTTATCTGG	1500
	AATAATAATA TTACAATGTC GTTTCATATC ACCTTTACAC ATCAATTGCA TATTTCCCGG	1560
40	GACATTACCA TTACAGTGTT CTTGCCATAC CAAAACATCA CTACCTTTTG ATGGCAAATT	1620
	ATATAACACT GAAAATGGTA GGGCTAGTGA GTTAATAACG AAATGATGTT CCGTAATTTT	1680
	AAGTTGCTTG ATAAAAAATA ATGCGAATGC GAGCTTTGAA GGGAAAAAGT AAGACTTCCC	1740
45	TTGCCAATCC AATATGACAT CAGATGTTAC AAAATTTTCA TAAATCACTT CTTTACCTTC	1800
	TGCTGTCATA TATTTCTTCA AGATCGCTTT ACGATTTAAA TCGTAAACAG TTTGTGCAAA	1860
	TTTAATACCA TTCTTAGAAT AATAATCGAC AAATCGGACA CGTTGTTGGT CATCAAACCA	1920
50	TTCGACACGA CTAACAATTC TAGGGCGCTC TCCACTTTGA yAAAAATATT TACCTCGyAG	1980
	ACGTCCCATA TCATTaATTG TAGCCGAATT GTTGTTACCT TTAATTTCCC AAAAAGCTGG	2040
55	TACAGTAACC TGATTAAAAA ATCGTGGTTT CATATTTTCT GTATTATGAT TATCTGCAAA	2100

	TAAATCTTCT	TCCAACCTTAC	TGGCTTTAAA	AGACTCATAT	AACCTTCGTG	AATGATCGTT	2220
5	AAAGTAATCA	AATAATTTAA	TCATGTAGCA	CCTCTTGaAC	TAATGTTTCC	CATTTTAAAA	2280
	TAATATCTTG	AGTCATAAAT	TGCTGTGCCA	CTTCATAAGA	GATGTCATGT	GGTGTCTGGG	2340
	GACCATTGTT	AAAATACATT	ACAATGGcAT	GAGCTAGTTT	TGCGATAACA	TCATCCACAC	2400
10	TATCTTCGTC	GGTATCAAAA	GGTACCAAGT	AGCCATTTTC	CCCATCTCGA	ATAAAGGTTG	2460
	GGTTACCATA	ATTACATTTT	AATCCAATCA	TACCTAGTCC	TGAGCCTACC	GCTTCCATTA	2520
	GTGTTAACCC	AAAACCTTCG	CTAGTTGATG	CAGAAAGAAA	TAACTCATAA	TCATTATAAA	2580
15	TTTCATCAAG	TTTAACATGC	CCTAGTAAAC	GAATATAATC	TTGTGCGCGG	TGTGTATCAA	2640
	TAATTTTACG	CAGTCGCGTC	TTCTCGCTAC	CTTCTCCATA	AATATCAAAT	GTTAATTCTG	2700
	GCACTTGTCG	TTAGCCACG	ATAACCGCTT	TGACAAGCCA	ATCAATATGT	TTCTCATTCG	2760
20	CTAAACGAGA	TGCACTAATC	ATCGCATATG	GCTTTCTTGA	TAATGTTGGA	TATGATAATG	2820
	CATCAATGCT	TCCCACAGGA	ATAGTATAAA	CACGTGGGCG	ATAACCTTGA	TATTGCTCAA	2880
25	ATTGTCGACA	AACCATATGA	TTTTGAATAT	CTGTTGCTGT	AATAAAGAAA	TCAATGTATT	2940
	TAGCTTTTGA	AAATTGATAT	TCATAATAAT	TGTTCCATAG	TATATGCTGC	TCACTCATCA	3000
	TATTATTACT	ATAATGATCA	GCATGAATCA	CAACACCAAC	TTTACTATCA	CCTTTATGCT	3060
30	GCAAAACAGC	CTGACCAATA	TCAGAAGCGC	GGTCTAATAT	GACAATATCG	TCTCGGGTTA	3120
	AATTCAATCG	TTGTAAAAAG	TATGCAATAA	ATTCCGTTTT	GTTATACAAC	ACCGCATCTT	3180
	CAAACACATA	TATAGAGCTG	TCTCCATCAA	TATATTCGTT	ATAAGCGATG	GAACCATCTT	3240
35	GATTATAAAA	TTGTGCGATA	TATAATTTTC	CTTTATTATC	AGCTGGTGCA	TAATACTCAG	3300
	AAAATATGCG	CGTATAACTA	TAAAAATCTT	TACGTACTAA	CATACTATTA	ATTACAAATT	3360
	CTGCACGATC	CACAATATCT	TTTTGTTTCAT	TTTGCAGATA	ACATGTTACA	AATGATGATT	3420
40	TCCCATTAAA	ATATAGGCGG	ACTATCTTAC	CATTTCTTTC	TCTAAAACTA	ATGTCATGAC	3480
	CAAGCTCACG	TTCAATGTCA	TCTAACGTGT	ACGTTGTTGG	TGCTAAAGAA	ATATCACTAA	3540
45	AATACTGATA	CAACCAAATA	ACTTCTTGAT	CTTTAAACCC	AATGTTTTGC	GTAAATGTCT	3600
	GTATGTTCTC	TGACTGTATA	AAATCTAAAA	ACACAAATTT	AGTGTCTTGA	TTGTACGTC	3660
	TCAATAATTT	AGCACGGTAA	GCTTGTGCAT	ATTCAACACC	GCTACTCGCC	CAGCCTATAC	3720
50	CAAAGTTTAT	ATTATATATT	GTCATGCGCT	ACCCCTTTTC	ATTTATGGAA	AATGTATAAC	3780
	TGGCATACCC	TCTTTATCAA	ATGTAATCAT	GCTTTGACAA	ATATTTTTC	CCATTCTTTT	3840
55	TTTGATATTT	CGTGTCAATA	CTTCAAATGA	ATCTAAGGCA	ACTCTATGGT	ATTCAAAAAT	3900

	GACTTGTTCT AACCAACATG AATCAATTGC TTTCAAAAAG ACTTTTTTGAA CGAAAATATT	4020
5	ATAATAATAT GCACTTTGCA TGTTTTTACG ATTCAAAGCT AATTGCTTTT CAAATTGCTC	4080
	TAATAAAAAT GTCACTACTG CTTGCTTATC TTTAAAATTA ACACAAGCCA CATCTTTATT	4140
	AAATTGGAAA CTTAAATTTT GATAAATATA CTCGACAACA CGCGATTTTG TTAGCACCTT	4200
10	TTCTCATTTT ACAAACATTT CAAATACATC TTTAGCTAAC GCTTTAAAAT CTTGATTCTC	4260
	AGCATCATCT ATTTCTAAAA CTCGATTGCG TTCCTCGTAT ACAAGATCTC GCTGTATACT	4320
	AATGCTTTTT TCAAATTCAT TAGCCATTTC ACGAGCTTTA ACCCCTTGTT CTTCCGAGAT	4380
15	aCGcTGCGCT TTAActACAA TTTGCTTAAC TTTGCGATTA AACAAATTAC TTTGCGATAA	4440
	TCGTTGTGCA TCTAATGAAT ATAATTGATT ATTTTCCGCT AAATTACTAT CGCTCCATCG	4500
	CTTAActAAA TAATCATCTA GTGAAATATA TATACAAGAT GATCCCGGAT CCCCTTGTCT	4560
20	ACCAGAACGA CCACGTAATT GCCTGTCTAC ACGGCTATTT TCCATATGTT CATGAATAAT	4620
	AACAGCTAAT CCACCTAATG CTTGCGACACC TTCACCAAGT TTAATATCTG TGCCTCGACC	4680
25	TGCCATACTA GTCGCAACAG TCATGGAACC AATTTGCCCT GCTTCAGCTA TCATCTGCGC	4740
	TTCTTTTGCA ACATTTTGCG CAATGAGTAA ATTATTAGGA ATATCCATTT GGAATAATAC	4800
	TTTCGAAAAG TATTCAGCCG CTTGAGCAGT TCTCGTTATG AGTAAAACCG GTCGCCCCGT	4860
30	TTCATGAAGT TCAACTATAT CATGAATCAT CGCGATGTTT TTCTCATCAA CTGAACGAAA	4920
	CACTTTATCT GGTTCATCGA TACGTTGAAT CGCTTTATCA GTTGGTACTT GTACGACTAT	4980
	TTTTGAATAC AAATCAAAGA ACTCTGATTC GCCTAATTTT CCTGTAGCTG TCATACCTGA	5040
35	AAATGATTCA AAAAGTTTAA ATAAATTCTG GAAGGTAATT GTTGCCATAA CACTTTTATC	5100
	TGTTGAAACC TCCATACCTT CTTTCGCTTC AATAGCTTGG TGAAGTCCAG CTTGCAACTT	5160
40	AGTTCCCGGT AACATACGAC CTGTAATACG GTCAATTAAA ACAATATCAC CATTATATAC	5220
	AAAGTAATCG ACATTAGATT CAAACAAATA TTGTGCGCGC AGTGCTAAAT TAATATTACG	5280
	CACTAGGACC ATCGCTTGTT CGCTATATAA ATCTTCAACA TTAAAGTATG ATTGTGCCGC	5340
45	TTCAATACCT TGATTTAACA GCCATATTTT TTTTTTGGTC TTCTTCATTT TAAAATGCAC	5400
	GTCTTCAATC AATGTATCTA CAAACTCTTT CACAATATGA AATAGATTG ATTGTAATCT	5460
	TGGTGCACCC GAAATAACTA ATGGTGTTTG AGCAGCATCT AAAATGATTG AATCCACTTC	5520
50	ATCAATAATA CCGTAATTTA ATTGTGGTAA AAATTTCCCT TCCGCACTAT CAGCCAAATT	5580
	ATCAATTAAA TAATCAAAAC CGAGACGTCC ATTAGTTGTA TATATAATAT CATGTTTATA	5640
55	TATATTACGT TTTTCCCTT TTTGATACTC ATAATCCACA ATATCAACAA AACCTAATGA	5700

	TAATCATTCTG TTGTAATTAA ATATGTTCTT TTTCCCGAAA GAGCATTTAA ATATAAAGGC	5820
	ATCGTTGCCG TTAATGTTTT ACCTTCGCCT GTTTCATCT CCGCAATGTT ACCTTCATGC	5880
5	AATACAATCG CTCCGATTAA CTGAACTTCT TTAGGATACA TACCTAATAC TCTCCAGCTC	5940
	GCTTCACGTG CCACTGCATA AGCTTCAGGT AACAAATGTAT CTAGTGTATC AACTCCTGAT	6000
	GCTAAACGTT CTTTAAATTC TATTGTCTTT TGTTTTAAGC CATCATCAGA ATATGATTTA	6060
10	ACTTCATCGC TCCATGTATT GaTGsGTTcA CTATTTTCT AATCGACTTT AGTCTTAATT	6120
	CGTTTTATCGT AACATCTAGT TTATGTTTCA TTTACTTCCC CACCATTGAG TTTCGATACA	6180
15	TCTAAGTAAT CTAAAAATCG TACTGGATTC ATTAAACGTG ACATATAATT TAGATGTTTG	6240
	TCTTGCTCTT CTTTAAAATA AACCTCGACA TTTGTATCTT TTAGTTCATG ATTTCTGGG	6300
	ACATGTTCTG TAAGCCATCC TTTTAAATCA TCATCTTCAT GGCTTGTAAG ATACACTTTG	6360
20	CAACCCAAAT GCTGAGCGAC ATAAGTTGCA AAAACATTG ACTTTGACCC ATAACATAATC	6420
	AAATTAATAG CCTTTAGGGT ATCTTGACTT TGCAATCAT TCTTTAGTTG CTTAATATTT	6480
	CCCTCGATAT TGTCGTCCAT CCAACGTTCA ACGAGCCAAA CATGACCAAA CAGTTTCAAA	6540
25	AAATCATTCTG AAATAGTTGG ATAGGTGTCA GATGTTCTG CAATAATGAC ATTGATCATA	6600
	TCATTTCCAT ATTGGTCATC GCCTATCTTC GTCACCCGCA TGCTTTTATA CTCTAAATCA	6660
	TATTGATGCG TCATCTCTGT GATTGTAAA CATCTAAATA TAAGACTCGT CGATGCTGCA	6720
30	TTCATCATTT TTATTTTATA AGCATAGGCK TCATCAGGAT ATTGAATCGT AATACTATTT	6780
	GACTTTACAA TCTCAGTACT TAGTTTTGTG CCATTTTTAT TATAAAAAAT GATGATAAAA	6840
35	TACACTGAAC CAGCAGGCGT TGCATCAAAA TCAAAATGCA ATTTATAATG CTGTCCTCTA	6900
	CGCAAAATTG GKAAACTTGG CGCACTTTTA TATTTTGAAA ATTGCTTTAA CATCAACCAC	6960
	TCATGAATCG GTAATCCAGA GGGCATCAAA GGATTTATAA AAGTCACTTC ACCATTTGAA	7020
40	AATGATACTT TAGAGCCATA CATAAATGTA GTTTGTGAAA TATAATTCCA AGTAACTTTA	7080
	AATGTTTTGT TTTTCAGCAT GTTGAATCT CCCAACTTG TCTTCCAAAA TAATGTTGTA	7140
	AAAATTAACA AACCAACTTG CAATGGTAGG TGAATCATCA TTATGTCGCC CAGGAATACT	7200
45	GCGATTCATC ACTCTTGCTT GGTGTGCTGT CAATACAGGT AATAGCTCTT GAAATGCATG	7260
	TGGATCATAA TCATCATGTT GCATATATGC TATGGCAAAA ACAGTTTGTG ACAATGATTy	7320
	CTTTTGAAAT GTTTGCCAAA ATTTTGTATT TAATGCCTGT ATCGACGCTT GAGATGTATC	7380
50	ACCTTCATTA GACACCAGGA CGTCTAATGC TGTACCGAAC TCTTCTGGTC TAAGTAATCG	7440
	CATATGTTCA GCAATCGTTC CAATATTAAC AAGTGGTTTA CCAACAATAA TTGCCTGAGG	7500

55

	TAATTCATGT GATTTAAAT TCAGCTTTTC TAATGTCTCG TCAATAACAT TGATAATACC	7620
	TTGTTTCATAT TCAGATGAAC CGATATAAAA ACTACCACCT TCAACACGAG GATCGCCGAT	7680
5	AAGTAAAAAC GGTGCATTCA TACGTTTCAT CATATAATAT CCTTCGAAAC CTTCCGCTGT	7740
	TCGATAACCA CTAATATATA CGTTTAGTGG CGGTTTCATA TCACCAGGGT GGAAATAATA	7800
	AATAAATTCC TGTGTTGAC TATCTACGAA ACGACTACCA CCAAGTAAAA ATTGACCCAT	7860
10	GTCTAATCTA GACCATCGTT TGTGTATAGG TCCTAAATGT ACCGTCCCGT TCCCACGCGC	7920
	CTTAACAGTT ACACTTATAT AAGCATCAAA TGGTTTCGCA GGTATCTCTA AAGGACTGTC	7980
15	TAACATATCA TCAGTCAATA CGATTTGTTT AATTAATGCA CCATCAGCGC CAGTCTGAAT	8040
	CAATCTAAAT GTATATTGCA ACTCGACCGC ACCATCAATA TCAAATTCTG GCCATATTTG	8100
	AATGACTTTA TCTTTATCGT AAACGAGATT ATTTTGCCAA GATGCGATAG GTTTAAATTC	8160
20	TTTCCCAAAT TCTCCACTCA ATGTGAGCTC TGAATTACCT TGGTAAACGA CATCTCCTTT	8220
	AAAATTCGGA TGCACAAGTG CTAACCTAGG AGAAACCTTA TCTCCATACT GTCCTGAGAA	8280
	GCTAACTGCC TCTAATTTAT TATTACGTTT TTCAATATTC CGGTAATGTA ATGGTTGAAC	8340
25	AACGTATTTT TGGACATTTT CGTCTTGTTT ATATTCAACT GACCAAAATG ATTCATCAAC	8400
	ATACGTATTG TATGGTTCGC TTATCATTG TAATAAATTC GTTAATGTCT CCGAGTATGG	8460
	TGCTTGAATA TAGATAAAAT CAAAGCGCCC TTCTGCTTCA ACAATCGCTT CAATAGCCTC	8520
30	TACATAACCA CTATCAAATT CAAACAATCC AATATCGAAG TAATCCCAAC TCACACCTTT	8580
	TTTGTGTTGA AAAATAGGTT CTAAATCGTC TCCTCCAATT TGCAAAACTC TAAATTTACG	8640
35	TGGCATCATT TTCACCTTCT ATTAACCTCAT CGAGCTGATT AATAATATTC TTAGAAGCAT	8700
	ATGCATCTAT TAATTTTAAA GAATAGGCGT ACGCATAATT CCAATTTTTC AAATAAAATA	8760
	AATAATAATT TAACGCATCA TCTAATTCAT CAACTGTATT TATAATACGG CCATTGTCAT	8820
40	AATCAGAGAC GTAATCTGTT TGTGACCAT TAATTTGTGG AATCCCAGCG CTAATTGCAC	8880
	TAATTTGTAA ATACAAGTCA GGTTCTTTTG ACATATCTAT CACAAGTCGC AACGTCCGCA	8940
	ATGCTTCTAC AACATCATGT TCAGCATGTA TCGTCTTAAC AGCAATGATG TCATCTTGAT	9000
45	CTTCAGGTGT CATTAAATGCT GAAACATTAA CATCCGCATT CTGTTTAGCT TGGTATTCCT	9060
	CATTTACCGA CGTAATACAT TCACGAAGCC ACATCGGTAT GTCATTTTGA TGGCGCGATA	9120
50	ATAAAATTAA ACGGTAATAA TCTTCCTGTG CGATATAATC CACAAGTCGT TGCATCATTT	9180
	GTTGCAAATC AGCGTCACTC ATACCATCTA TCCATACACC TATAAATGTT TCCATCAATT	9240
	GACTACTTAT ATTAGGTGAT TGTCTCGTTT CAAATGGTGT GATTCGAATC ATTGTATTCT	9300
55		

	TTAAATGGGC ATTCTTTACG ATAGATTGAT ATTCCTCATC TGACACAGTT TCATTTCTAT	9420
	TTTTAAAAA TGAATAACTT AATGATTTTCG CTGGAATATG ATTGGCTATT TGTCGATTGT	9480
5	GCCTAGCATC TGAAGCCACA ATCACATGAT CATCTTCATG TATTTGTTGT GCAATCATTG	9540
	CTTGAAATTT TTCTTCAATT AGTTGAGCCA TATTGTTATA TTCTGTTTGT TGATAGTGAT	9600
	GTTGATATCT TTTTGAAACA GTGACTCTGC CATTTTTCAA ATCTTCATGA AGTACACAAT	9660
10	CTCCATTAAT CGTTAAATAT TCTTGGAAG AAGCCTCTCC CTGATCATCA AAATAACGTA	9720
	TCGCTGATAA ATAACCTCTG TCATCAAAAA TATAACGCCG TTGTAAGTGA TCTCTTTCAA	9780
15	ATTCTTCAAA CCAAATGAA TACCCTTCTT GACTAAAAA AATATTGTGA TAGGTCTGTT	9840
	CACTCGTCAC ACATTTTAAT AAATACGGTG TGTACACAAA CTCAACATCA TCCGGCCATT	9900
	TTAAGTGATG ATAATTAATC GCTTGTGGCG CATGGTGACT GAATCCTTGA ATTTTCATCA	9960
20	ACACAGACGA ATACTTTGTC TCATATAAGT CATATCGATG TAAAAATGTT CTTAAATTTG	10020
	GTGCATGATT GAGAACAATC AGTTGATAAT CTAAGTCATT TTCAAGGTGC ATTCCCATTA	10080
	AACTAATCAT ATCGTCAAAT TCCGTCTTAT TTTGTAGTTG ATAATACGGC ACAGTCGTGT	10140
25	CTTGCCACCA TCGTTGGTCA TCGTACCAAG CTGGAATAAA GTATTTTATA ATTACCTCCT	10200
	TACCAATACT GGTTTAAAAA TGGCTTATAT TTATCAAAAT ATAAATATGT ACGAATTGTT	10260
	TCTGCAATAT TAATACTGAT GTAACTAAT ACAATCAGTT GTACTGAGAA ATAAATTTCA	10320
30	GTAGATAAAT GCGGTACAAA CAATGTGAAA TAAAGCGGTA TACCAATAAT GACTGTAACT	10380
	AATGCCAATC CAAACCAACA TACGCGTCGT GCTTGATAAT TTAAATAACG TTCTGTATCC	10440
35	TTACCAGGTT TAACTCCTGA AAAATAATTG CCACTCTTTA AGAAATCTTT GGATTTTGT	10500
	TTAGTATTGA TTAAAAATCT CGATAAAAAA TAACCAATA ACATTTGAAT CACTAAATAT	10560
	ACTGAAATAC CTACTGGACT ATCAAATGTC AGCATTGGCA TGTCATCTGA TATGCTTTTA	10620
40	TTAAACATAG ATAAAAATAA ATGAATGCCA CTTTTTAAGA AAACAAAAGC TGAAATACTC	10680
	ATCATTAAAG TAATACTGCC TGCAGGGTTA ACTTTCCAAG ATAAATAAGA TTTCATATTT	10740
	GTTGCGGAAA CGTTCATTAA ATCGATATAT GGTATTCTCA CTTCTACTAA TTCAATAAAT	10800
45	AATAAGATAA ACAATGTGAT TATCACAAGG ATGATTAACA ACGCAATCAC AATATGACTT	10860
	GCATCTATAT ATTCCATTTT TTGATGCATC ATTGATTTAA TAATACTAAC CATTACAATC	10920
	GGCATTGGTC CTGCGATGCC GTAGCGACTA TTTTGTGAG CTAACCAAAC TAATAACATC	10980
50	GTTCCAGTAA CCAAAATCAA TATTGTTAAG TAAATATTGT CTTGATGAAC ACGTTCTTTC	11040
	GAAACATATT CATGAATCAC AAAATAACTT TGAATAACAC TTAAAAATTAA TGTTAAGATG	11100
55		

EP 0 786 519 A2

	GAAATCAGCA TCAAGATAAT CATTGATGTT AACCACGGAC CTAATCCTAA AGTGAAAATG	11220
	TTTAAAGTAT TAACGTCTCC ACCCATATTA GAAATAGCTA TTTTAAAAA TGACTCATGT	11280
5	TTTACTTGCA TATCGTTaTA GGAAACGATG GAAATGTTTG TGCCTAATAT ATAAATAaAC	11340
	AAGATAAAAC ATGTGTATAG CATACGTTTA TATATAATTT TATATTGTA TTGTTGTAAA	11400
	AGTTTTAACA TGTTGCACCT CTTTTATATC AAAAACATTA AAAAGACTAA GGGTTCATCA	11460
10	CTAATTATTA AAATCCTATA TCGATTTTTT TAGTGATTGG TGCCTCAGTC TTTTAAATTT	11520
	TAGCCAGCTA TAAATTCAAT TTATGCTTGA GAATCATCTT GATCATTTTC ATCTTCTTTT	11580
15	TTCTTTCTCT TCATTAAACC TAAACCAACT AATAATGTCA TAACGCCACC TAGTAATCCA	11640
	TTTTGTTTTA TTGAGTCACC TGTATCTGGC AATCTTTTTT CACTTTGTGC TGGTGTGCCA	11700
	TTATGTTTAG TCACTTCAGA TGTTGCACCT AATGTAGACT GAGATTCACT CGTGCTCGTT	11760
20	GTTGCTTCAC TTGATAAGCG AGATGTGCTC GTGCTGTGAG TATGATGCAT ACTCATTGAG	11820
	TCTGACGGAT GCATTGAGTT AGATTGAGAT GTACTTGTTG AGCCGGACAT ACTTGTTGAT	11880
	GTTGAGTCAG AAATGCTTTG TGAACCAGAC ATAGATGTAC TCAGTGATTG GGATGTGCTT	11940
25	GTCGAATCGG ATGTGCTCAA TGACGTTGAT GTGCTTGTTG AACTGATTG TGAGTCACTA	12000
	ATTGATGTTG AGTCGGATTT GTCTTGAGAC ATTGAAACAC TCGATGAATT AGATTCATC	12060
	ATTGATGTTG AGTCAGATAC GCTCGTTGAA CCTGAACCAG ACGTACTTAA TGATTGAGAT	12120
30	ATGCTTGTTG AAGTTGAACC ACTTGTTGAG TCCGATGTAC TTGTCGATGT CGAGTCTGAA	12180
	TCTGATGTAC TCAATGATTC TGAGTCACTG ATAGAAGTTG AATCACTTGT AGATTCTGAT	12240
35	TCTACTGTAC TTTGTGAACC ACTGATACTT ATTGAAGTAG AATCACTGAT ACTGTCTGAT	12300
	GTTGATAATG ATGTCGACAC CGATGTGCTT TGTGATGACG ATGTACTAGC ACTCATTGAC	12360
	ATTGATGTTG ATATCGATGT ACTTAAGGAA CCAGATGCAC TTGTACTTGT TGACTGGCTT	12420
40	TGTGACATTG AATCACTTAA TGATGTAGAT GTGCTTGTTG AGCTCGAGTC ACTTACACTT	12480
	GTTGAACCTG ATATTGAGTC ACTTAAACTT GTCGATGTTG AACTGAtwC GcTTCCGCTC	12540
	ATTGAGTCAG ATGTTGAAAG TGATGTACTC GTTGAATTTG ATCCACTGAT GCTAGACGAA	12600
45	TCACTTGTAAG ACATTGAGTC GCTTTCTGAT GCACTGATGC TCATAGAGTC AAATTGACTA	12660
	TTACTTGTTG AGCTTGACTG CGAATCGCTC ACACTTGTTG ACGTTGATTG TGATCCACTC	12720
	ATACTTTGCG AGCTACTCAA TGATTTTGAA TCACTTAATG AATCCGAAGT GCTAAGACTT	12780
50	GTGGAACCAC TTAAAGATAT TGATCCACTT AATGAGTCGG AGTCACTTGT ACTAGTAGAA	12840
	TCACTCATTG ATATTGAATC ACTTAGcGAG GTAGACTyGc tTACGCTTTC TGAACCACTT	12900
55		

TTTGAATCAC TTAATGAATC AGATTCACTC ACGCTTTCTG AACTTCTTAG TGACGTCGAT 13020
 ACACTTAATG ATGACGAATC GCTTGTGCTT ACTGAATCG 13059

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 221:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 10758 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 221:

AGGGATGGCC TTACCTAAAA AACCGGGnAA ACCCTCCAAA ACCCATTAAA AGGnTGGnTA 60
 CCCTTTAAAA TGGTAGCATT TAACCGCCAC CCGCCAAGGT GGGTGGTTTA TTCTTCCGTT 120
 ATTTAAATTA GTACACCATG CAGATTCTGT AGTTGAGGGA TATTTTAACG AAAGCTTATT 180
 AGCAACTGAT AAAAAAATAC GTCCTAAGGC ATATATTGCT TCATGGAAGG ACATCGAGCC 240
 GGCTAAGAAA ATAGAATTTA AAATTAAAAA AGGTATTAAA TGGCATGATG GTAATGAATT 300
 GAAAATTGAT GATTGGATTT ATTCAATTGA AGTCTTAGCT AACAAGGACT ACGAAGGTGC 360
 TTATTATCCA AGTGTAGAAA ATATCCAAGG TCGGAAAGAT TATCATGAAG GAAAAACTGA 420
 TCATATTAGC GGATTGAAGA AAATAGATGA CTACACTATG CAGGTTACAT TTGATAAAAA 480
 ACAAGAAAAT TACTTAACAG GATTTATTAC TGGACCTTTA TTAAGTAAAA AATATTTATC 540
 AGATGTACCA ATTAAAGATT TAGCGAAATC AGATAAAATC CGAAAATATC CTATTGGTAT 600
 TGGACCGTAT AAAGTTAAGA AAATCGTTCC AGGTGAGGCT GTTCAACTCG TTAAATTTGA 660
 TGATTATTGG CAAGGTAAGC CTGCACTAGA CAAAATCAAT TTAAAAGTTA TTGATCAAGC 720
 GCAAATTATT AAGGCAATGG AAAAAGGCGA TATTGATGTT GCGAATGATG CTACCGGTGC 780
 AATGGCAAAA GATGCTAAGT CATCTAATGC TGGTCTCAAG GTATTATCTG CGCCAAGCTT 840
 AGACTACGGT TTAATAGGtT CGTATCTCAT GATTACGATA AAAAAGCTAA TAAACTGGT 900
 AAAGTGAGAC CAAAATATGA AGACAAAGAA TTACGTAAAG CAATGCTTTA TGCAATTGAT 960
 AGAGAAaAAT GGATCAAAGC GTTTTTCAAT GGTTACGCTA GTGAAATCaA TAGTTTTGTA 1020
 CCATCTATGC ATTGGATAGC AGCCAATCCT AAGGACCTAA ATGATTACAA ATATGATCCT 1080
 GAAAAAGCTA AAAAAATCTT AGATAAGTTA GGTATAAAG ATAGAGATGG TGACGGATTT 1140
 AGAGAAGATC CTAAAGGTAA TAAATTTGAG ATTAACTTTA AACATAATTC AGGTTCTAAT 1200
 CCTACTTTTG AACCAAGAAC TGCTGCGATA AAAGATTTCT GGGAAAAAGT TGGCTTGAAA 1260

	AATACGATTCTGTTTATATGCCATATATCACATCTTATTTCATGACGCGTGCTATCGGC	1380
	GACAGACCTTAGTCGTCCC GCATCAATCTCAGAACTTAGCATTATTGGTAACTTTGCA	1440
5	GAAACAGAGC GAGACACTGT ATTTACAACA GAATATTCGG TTCGTACTGC CATGGAAGCT	1500
	GTTTATCAAT TACTAAATAT AGATCGTGGT ATTCCAGAAG TCATCAATAG TCCATTGTAT	1560
	CTTCGCGTCT TAATGGATGC CATATACGAA CTGAATGACC ACCAAGATTT GCGTGAGATT	1620
10	ACTAAAGATT CGAAAATGCA AAAACTCGCA TTAGCAGGAT TCCTTAAAAA GATAAAAGGT	1680
	ACGTACATTG AGTCATTATT AAAAGAACAC AAATTGTTAT AACGAAAACC ATTAATAGAT	1740
	TTTTATTGG TGATTTCAA TCATGAGACT GGGACAGAAA TGATGTTTTC ATAAAAATTA	1800
15	TTTCGTTGTT CCACTCTCAT GATTTTTTTG ATGAAACATA ATTACATGAT TGATTGCATC	1860
	ATTTTGTTAA ACAAGTGATT GCAAACCTGC CATTTACAC TGAAAATTTA CATAATAAGT	1920
20	GACGATATTT TACAAGTCAT ATACAAATAA CATATATTGT TAAATAATTT TACCTAATCT	1980
	TAACATTAAA TTTACAATTA TAAGCGATAA TCTAAATATA AAGCTTATTT GAGGTGAAAT	2040
	AATGGAAATG TCGGTTACAG AAGTCATTTT CTCCTTTTTA GGTGGTTTAG GTATTTTCCT	2100
25	TTACGGCTTA AAAATCATGG GAGACGGGCT TCAAGCATCA GCAGGAGACA GGCTACGAGA	2160
	TATTTTAAAC AAATTTACAT CAAATCCAGT ATTAGGTGTT ATTGCAGGTA TCGTTGTAAC	2220
	TATTTTAATA CAAAGTAGTT CAGGTACGAC AGTTATCACA ATCGGACTGG TAACAGCTGG	2280
30	ATTTATGACA TTGAAACAAG CCATTGGAGT GATAATGGGT GCTAATATCG GAACAACGGT	2340
	AACTGCATTT ATTATCGGTA TAGATTTAGG CGAATATGCA ATGCCAATTT TAGCATTAGG	2400
35	TGCATTCTTA ATCTTTTTCT TTAAACGCTC TAAATCAAT AACATTGGCC GCATACTATT	2460
	CGGTTTCGGT TCACTATTCT TCGGTCTAGA ATTTATGGGT GATGCCGTTA AACCTTTAGC	2520
	ATCATTTAGAT GGATTTAAGC AATTAATGCT TGATATGTCT ACAAATCCAA TACTCGCTGT	2580
40	CATTGTCCGC GCAGGGTTAA CAGCACTAGT TCAAAGTTCA AGTGCGACGA TTGGTATTTT	2640
	ACAAGAATTT TATCAACAAG ATTTAATTAG CTTAAACGCA GCAATCCCTG TGTTACTAGG	2700
	CGATAACATT GGTACCACGA TTACAGCTAT CTTAGCTAGT TTAGCCGGCT CAATCGCTGC	2760
45	AAAACGTGCG GCGCTTGAC ACGTCATCTT TAACTTAATC GGGGTAATTA TCTTCACAAT	2820
	TTTCTTGCCA GTTGTGATTC ATTTGATTAG TTTGTTACAA GATTTATGGC ACTTAAAC	2880
	AGCGATGACG ATTGCAGTAT CACATGGTAT CTTCAACATA ACAAATACTT TGATTCAATT	2940
50	ACCATTTGTA GCAGGTTTAG CATGGATTGT TACAAAGCTT GTCCCAGGTA AAGATATTGC	3000
	TGATGACTAT AAACCTCAGC ACTTAAACAA AGATCTTGTT TATCACGCAC CTGGTGTTGC	3060
55		

	AGACATTTCGC GAAATTACAA AAGACGATAA AAAATTGATC AAAAAGCTTG AACAAAAGCA	3180
	TCAAGCTGTT GAAACAATCA ATGATAGCAT TCGAAATTAT TTAGTTAGAA TTTCTACAAA	3240
5	AGCCATTACG AAGGCAGACG TTGAGCGTTT AGCAGTTATG TTTGATGTCA ATCGCTCTAT	3300
	TTTAAAAGTA GCAGAGCTAA CAGAAGAGTA TGTCGCTCAA TTAAAACGCC AACATGATGA	3360
	AGATATTTCGC ATTACAGAAG ATGCACAACG CGGTATGGAT AAATTATTCA ACCATGTTGC	3420
10	TGAGTCATTT GATAAAGCCA TCGACATGTT AGATGTTTAT GACAAAACGA AAAAAGATGA	3480
	AATTGTAGAA CGTAGTAGAG AATCATTTAA TATTGAACAT AAACACTACGCA AAGGTCATAT	3540
15	TAAACGCCTT AATCGTGGTG AATGTACAAC AAAAGGCGGA TTACTATATA TCGATATGAT	3600
	TGGTGTTCCT GAACGTATCG GTTATCATTG ACGAAATGTT TCTGAAGCAC TTGTTGGCCT	3660
	TAACGATGAT GTACCTACAG ATGAAGAAAT TGCAACAACCT GAAATTTAAT TTTTACTGTC	3720
20	TTATTTATAT TCATATTTTT TTAATAATTAG AGATTCAGAT GCATGTAAAA AGCCAATCCA	3780
	ACATTCATGG GTTGGCTTTT TTGTTTAGCA AAATTTATTA TCTTAAATCG GCTATAAACA	3840
	CTGATATAAT AATGCTTCAT TAGTATGCGG TAAGCATGAC GGACACTGTT CTCGGAGTCT	3900
25	GACCCCGAAA CGTTTAATAT ACACTTTTAC ACGTCGCCTT CATTGAAGCG AATTGCCATA	3960
	ACCTTCACAT TATATATAGT TCTTTCCATA TAAATGTCCA AATTTTTAGA ACAACGCAAT	4020
	AAATAACCAT CCACCTAACT TATCAAAAAT TTAAGTGGAT GGTTTTTCAT TTTCATTTAT	4080
30	ATTTATATTA GTGTAAATCC AATCATAGAT TTATCTATAT GCACTGCTCT ATACATTTCC	4140
	TCATTTAATT TGCTTTACTT TCATTTATAT CATTATCAAA ACACTTGGCG TGTCATCGTT	4200
35	ATTATTTTCGC ATCTTTGACA CGTTTATCAT CATTAGGAAT CGCGAATAAA ATTGCGATAA	4260
	ATGCCATGAT TCCCATTAAT ACGTTAACCC AAAGTGCAAT CATCGCACCT GTATGAATGC	4320
	TCGTTGCAGC AACTGCACCA GCATATACAG CACCACTAAT TGCGACACCG AATGCGCCAC	4380
40	CAAGTGATGA AGCCATTTTA TAAATACCTG AAGCAACGCC AACTTTATCT AACGGTGCAT	4440
	TCGAAATAGC TGTATCTGTA GAAGGTGTTG CATAAATACC TAAGCCTAGT CCGAAACATA	4500
	AATATCCTAC GACACAACCTG ATAACATAAA ATATGCCTGG TAAGAATACT AATGAAATAA	4560
45	GTGCAATACC AATGACCACA ATGAATGTAC CTAATAACAT TGGTCGCTTA GAACCCATTT	4620
	TTTGTAATAA TTTTTCACCA ACTCGAATCA TCAATAACAC CATGATTAAA TAAGTAATTG	4680
	ATAAGTATCC TGCCTGCAAT GCTGTATAAC CTAAACCTTG TTGCACGAAT GTATTCGCTA	4740
50	CAATTAATGT ACCTGCAAAA CCGTTTAAATA AGAAGTTCGA AATCGTTGCA CCTGTATATG	4800
	GTTTATTTTC AAATAATTTA AAATCAATAA GTGGATTATC TACTTTTTTC TCAACATTTA	4860
55		

	AACCAAGTGC TGCACCTTTA GTAATGACAA CGTTTAAACT TAGCAACATA ACTACTAGAA	4980
	CAATTAGCCC TGCAACGTCA AATTTATGTG TATTGGTAAT TTCTGATTTT GTTTCAGGCG	5040
5	TCCCTTTGAT GAGTAACATT GAAAGTACGG CAACGATAAT TGAGAAGATG AAAATCCATC	5100
	TCCAACCCAT AGTTGTCGCA ACTGCACCAC CGAAGAGTGA ACAGATACCA CTGCCACCCC	5160
	AAGAACCGAT AGACCAATAA CTTAAGGCAC GCTGACGTC AGCACCCCTGA TAATAAGTTT	5220
10	TCATAATGGC CAATGTAGAA GGCATAATAC ACGCTGCTGA TACACCTTGT ATAACACGAC	5280
	CTAAAATTAA TAATGCCGGT AAATTCGTAA TAATAATTAA TGCTGAACCA ATAATACTTA	5340
15	ATAATAAACC GATATTCGTC ATTTTCACGC GCCCAATTTT ATCTGCCAGA CCACCTGCTC	5400
	CAACAACAAA CATGCCTGAA AATAGTGCAG TTAGACTGAC CGCAATACTA ATTGTCCCCA	5460
	TGTCTGTACC AAAACTTTGT TGTAAATTCG GTACAACATT TACAAGTGAT TGTGCAAACA	5520
20	ACCAAAATGT AATAACACCT AATACAATAC CTAAGATTAA CTTGTTGCCC CCGCGATACG	5580
	TTTCATTCAT GTTAGTTATC TCCTTTAAGG TAATCTAAAA CAACTGTCCC TACTGCTTCT	5640
	GCAGAAATAA GTAATGATTT TTCTGAAATG TTAAATTTAG GATGATGATG TGGGTAAATT	5700
25	TCACCATTTT CCACCGCTGC ACCTGTATAA ATAAAGGCAC TTGGGCGTTC TTTAGCATAA	5760
	TATGCAAAGT CTTCTGAAGG TGGTTGTGGT TCACACATTT CAACACCAAA ATCAAGGTTT	5820
	GCTTCTTTCA ACGTCTTAGC CACGTACTCA GTAAACTCTG GATCATTATA TAATGCTGGA	5880
30	TAATCATCGT TATATTCTAA GGTGCAAGT ACACCATACA TATCCTCTAA TCCTTTTGAT	5940
	AAACGTTTAA TTTCTTTTTC AATTGTTGCT TTTGTAGCAT CTGTTAATCC ACGTACATCA	6000
35	CCTTCAATTT CAACAACATC TTTAATGACA TTGAATTGAC CTTTACCGTC AAATGAACCG	6060
	ATTGTGACAA CACCGGTTTC AAATGGACTT AGTCGTCTAG ATACAACTGT TTGTAACGCT	6120
	GTGACGAAGT AGCTACCTGC AACAATGGCA TCATTGGCCA TATGTGGTGA TGAACCATGA	6180
40	CCACCTTTAC CTTGAACTTT CAATTGAAG AATGCGCGTC CTGTTTGAAC ATAACCAGGT	6240
	CTGTAATACA CTTTACCTGT TTTCAATTGT CTCATGACGT GTACACCTAA TACATGATCA	6300
	ACACCGTCTA ATACACCATT TTCAATCATT GTTTTAGCAC CACCTGGTGG TACTTCTTCA	6360
45	GCTGGTTGAT GTATCACAAC GACTTTTCCT GTAAAACTAT CTTTCATTTT AGCAAGCGTC	6420
	TCTGCTAATA CAAGCATGTA TGCTGTATGT GCATCGTGAC CACATGCGTG CATAACACCT	6480
	TTATTTTGTG ATGCAAAAGA TAATCCTGTA TCTTCAGTAA TGGGTAATGC GTCAAAGTCT	6540
50	GCACGGATTG CTAATGTTTT ACCAGGTTTC CCTGAATCAA TCGTTACTTT AATTCCACGT	6600
	GGTCCGACAT TCGTTTCTAC TTCCACATCT TTACCTTGT AAAATTGAGC GATGTATTTT	6660

55

	ATCATTTTGC CTCTTTTAGA TTTTAAAGTT TCAATTAATT GTTGATTCAT ATCCTTCATC	6780
	TCCTTAGTTA CATCATAAAT GATTAATCAT TATTTATATT GCCAACAACA GAGATGTTAA	6840
5	CCATTAAATTT TTTGCAATTT TAGCTTTGAA TATAAAAAAT CACAAATTAT GTATATCAAA	6900
	ATTTGTGATT TGTGATCATT TTATGAACTT GGGTAACGTT TTACTTCAAT TAAGTGAATC	6960
	CCATTGTAAT TCATTTTAAT GTTTAATGCC AGTGTGTCCG TGATATCTAT ATCATATACT	7020
10	TCTAATTTTCG GAAAACATCAT TCGATTAACG TAATCTATAG AGTCCTTGTC CATGCCATGT	7080
	ATCGTATGAT GTTTGCGCCA AAGATTAAAT AACGCACCAT TTTCTTTATC TAAGGTAAAA	7140
15	TGTTTAATCT TATACATACC TTCTTCCAGG GCATTAATGT TCAAATGAAT CATTTCCGTC	7200
	GCACGCATAT TCATTTGATT GTCCAACGCT AAGTACGGAT TAAAATGCTT TGCATCATAT	7260
	AACAATATTT GAAAATTTGA ATCAGTCCCC GTGACAATAC ATGTATCATC AGAATACAAA	7320
20	ATATTGCTTG TTAATTTATT AAATAGCAAT GCCGTGAAAT AGACCGGACG TTTTCCATTA	7380
	TATTGATGAA ATAGTTCAAT AGAATTCATA TAATCCCGTT CATTTTACA ATGACTGACG	7440
	TGCAATCAT AATTCAACCA ATACCCGATA CCTCTACTT TAGAACTTAA TTTTAATAAT	7500
25	TGCTCAATGA TGATACCACC TCTAAAATAT TCGCCGTTTG TAATAAATGT ATCACCCGTC	7560
	AATGTATTCC AATTGAGTAA AATGAGTGGA CGCTTTAGGC GATGACGATG CATTAAGTCG	7620
	ATAAGGTAAT TCGTTTTATT AATAATCATT TGAATCGCGG TTTTAAATTC ATCATCATTC	7680
30	ATTTTATTAA AATCAACAGC GTCATTTGAA TTGGCATCAA ATACAAAATG GTCGATGTGT	7740
	GGCTCAAGTC GTTTCAATAA TGGTAGATGT CTTTCCGTAG CTTGATCTAA GTGAATGTAC	7800
35	AAGCCACCAT TAGGGAATAA TGCTTTAAAA TAATCAATCA TTTCAATCAA AGACGTGTGC	7860
	AATGTCGTCA CATACAAGTT GAACTTCAAA TCTTTTCTAT GACTGACATG CAGGGCAACG	7920
	TGATGGATAA AAATTTTAAA TGCATCGATA TAATCACGTG AGTCATACTG ATCCAAATGC	7980
40	ATGGTCAAAC TAAAGTTATG ATCTAATAAA AAGTCTAAAC ACAAATCAAT ATCATAAAAT	8040
	ATATTCGAAA TTTCTGCATC ATACGTGAAT GGCGCATTGA GCTTTTTCAT GATATATGGA	8100
	ATCACATCAT ATGCTAATAC TTCATTGACT TGAAAATCAT GATGACATGT AAGCAACTGT	8160
45	GATTGATACT GTGTATTGAG CAAATTCCTC AAATAGCCCA CTTGAATAAT ATGATTAAAT	8220
	TGATTTAGTT GGTGATTGGT TGGTTGAAAG GCAATCTCTT TATAGTTCAT CTTTCAATA	8280
	TCTTCAATAA AATGATTCAT TTCTTCAATG TAGTCATTTA AAAGTAATAT CAATTCACGG	8340
50	TCGTGATAAT CATGTTGTGC CGATTGCTGG TTTTCAGTGA TTGCTGGACG ATCACCTCGA	8400
	TATTGTTTAG GTGTTTGATG CGTAAAGTGT TTAAATGTTT TCGCAAAGCT CGCTGCACTT	8460

55

	TTCGCATGCT CAATTCGCGT CGTATTTAAG AAATGATGGA ATCCTACACC TAGCGATTCT	8580
	GTAACCTTTT TAGACAGATG GCTCTCTGAC CACCCAACGT ATTCGCTTAA TTCTGAAAGG	8640
5	CTTAAATCTT CATGAAAATG TAACTCGATA TAGTCGCATA CTTGATTCAC TTTATCATCA	8700
	TTTAAGATAC TTTGGTTCGA ATGATATGTA CGCGGGACAT AATGAATCAT ATGCATAAGC	8760
	AACTGAATCA CAAGTTGTTG CTCAGTCAAT TTAGACAACT CATTATGTCG GATATGTGTT	8820
10	GAAACCAGTC TTGCCATTAT ATTTCTCAGT TGATGTATAT TCTTTGTTGT GGTTCGCATCT	8880
	GTTAAGTGAA AATATAGACA ATGCACATCA TCAAACCTGT CTGCTAAATA TTTCATTGTTG	8940
15	AATTGGATAT AACATATGAT GCCATCTTGT TGAAGTTGAA ATCGATACAA GTCGCGGTGG	9000
	TTAATGATGA AAATGTCGCC ACTGTTGCAT TCGTCATAT TATTTTCATC ATAAATGTGT	9060
	GCCTCnCCCTT TAATAACAAA ACCAATCATT AAACCTATTGA GCCTTTTGAA ATCTGACATA	9120
20	CTCTCAGTTT CTACTCGAAT TAAATAATCA CGTTGCATAC TATCCCTCAA TTCAGTAATA	9180
	TGAATACGTT TATTTTACAT TATTTTACAG CAACATATTT GAATTTTATA TTGAATCGTG	9240
	TGTGTGGATG ATTATTTATC CTCACTCGGT TCAAGATGTA GACTATCAGT AAAAAAAGTA	9300
25	TTTTACCTT TTTCTCCAC AAAAGTAAAT TCAATGTCTT TATATCCAAC TGtTGaACCT	9360
	TTTAAGTCTC CCgAACCTTT CaACaATAAC TTTGGTGCTT TATTCGTTGG TATTTTATAT	9420
	CTTTTTCGTA ATTGTTTTAC ATTATAGTCA TCATTAGTTA ATTGATATTT TGCTGAATAA	9480
30	CTCGGTACCT CTGGATTATA TGATATATCG CCGTCTTGT ACTTCGACAA ATCTTTAAAG	9540
	CTGCCATATT GCGCGAAGAA CTTAAAATTC TCGATTTCTT TTTTATATT TTCGTCTTTG	9600
35	ATACCTTTAG TTGGAATGAT TTTATGTCT ACCATTTTAA CGGGATATTC TTTATCTTTA	9660
	CTCTTAGGTC TACCATCTTC ATCATGAAGT GTTTCACCTCA CTATATACTT CCCGGTTGTA	9720
	GTCTTAGTGT TTCTATTCAT ATATAGAACC ATACCTTTTG ATTCATACG TTCCCTTTA	9780
40	GGTTGAACAA CCATTTTACA ACCAATAATC CATGTACCTT TATCATTTTT ATCAAATTCG	9840
	TCATCAGAT AACCTTCTTT ATCGTATAAA TCCTCTAGAT TTTAATCGG ATACATACTC	9900
	AATGTTTTTT CAAAGCTTTT CTTAACTTCC GCTTCTTTAC CTATGCCACA ACCAGCAGTG	9960
45	AAACTAATGA CTAATATCAA AAACTAATA TACAATACCA ATTTGTTTAA TCGTTTCATA	10020
	ATTCACAAT CCTATTCTTC TTATTATCTT TCCTGGATTG ATTCATATT TTGATCGAGT	10080
	CATGATTATT TATCCTCACT TGGTTTAAAA ATTAACCCAT CACTAAAGTA AATGTTCTCT	10140
50	TCTTTTTTCT CTACAAACGT AAATTCAATG TCTTTATATC CAACTGATGA ACCTTTTAAA	10200
	TTCCCTGTAC CyTTCAACAA CAcCTTCGgy GCTTTATTG TTGGTATGTC ATATCTTTTA	10260

55

ACCTCTGGAT TATATGATAT ATCTCCATCT TTATAATTCA TTAAATCTTT AAAATTGCTA 10380
 TATTGCGCAA AAAACTTAAA GTTTTCGATT TCTTTTTTTA TGTtTTCTTC TTAACTTCC 10440
 5 TCAGTAGAAA TGAATTTATT ATTAATCATT TTAAGTGGAT ATTTTTTTTG ATTATCCTGA 10500
 GCTACTTCGT ATTTCTCCGT CTTTAtTTCA TTAGTATAGT AAAAtCCTTT TGCACCTCTT 10560
 GTATTTCTAT CTATCTTCAA AAGCATGCCT TTTATTTTTA GAGCTTCTCC TTTATTTTGA 10620
 10 ATTGCCATT GAGAATTAC AATCCATGTT CCCTTATCAT TTTTATCAA TTGATCATCA 10680
 CGATATCCTT CTTTATCGTA TAAATCCTCT AGATTTTTAA TCGGATACAT ACTCAATGTT 10740
 15 TTTTCAAAAC TTTTCTTT 10758

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 222:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1109 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 222:

nTatCaACTT TGGaATTTAA AgTCAATAAC TTTTTTAAAA ACTTTTTGTG TTCACAACCC 60
 GCTTCTTTTT CAACGCGTTT ATTGCTTAAC ACAAGAACTT ATTTTACCAG CATTCCAAAA 120
 30 CAAATCAACA TAAAAACGTA CAAAATAAAA GTAATTTTGT ACGTTTAGCA TATATTATAC 180
 CTATTTATTT GTAGCAGCTA TAACTTTTTG TGCAATCGAG CTATAAAATT TACCTAGACG 240
 35 ATCATCTGAT TGATATATTG ACGGTGCAAA ATCTTTTGGG TTCCAAGATG GTTGCTCTAA 300
 AGGTAATTCC CCAAGTAATT GAGTATTAAG TTCATCAGCT AACTTAGTAC CGCCACCTTT 360
 GCCAAGACA TATTCTTTAT TACCCGTCTC TTTACTTTCA AAATAACTCA TGTTTTCAAT 420
 40 TACGCCAAGA ATAGAATGAT CCGTATGTTT TGCCATCGCA CCTGCGCGAg CTGCAACAAA 480
 TGCTGCTGTA GGATGAGGTG TCGTTACAAT AATTTCTTA CTTGAAGGTA ACATCGTATG 540
 AACATCTAAA GCTACATCTC CTGTTCCAGG TGGAAGATCG AGTATTAAAT ATTCAATGTC 600
 45 TCCCCATTTA ACTTCTGTAA AGAAATTCGT CAACATTTTA CCTAACATTG GCCCTCTCCA 660
 TATAACTGGC GCATTTTCTT CCACAAAAAA GGCAATTGAT ATAACTTTAA CGCCATGACG 720
 TTCAACTGGA ATTACTTCCT TCCCTTTAAT TCCAGGCTTT TCATCAATAC CCATCATATC 780
 50 TGGTACACTA AATCCATATA TATCGGCATC TACTAATCCG ACTTTTTTCC CTTACAGAGC 840
 TAAGGCAACG GCTAAATTTA CTGCAACAGT AGATTTACCG ACACCACCTT TACCGGAGGC 900

ATTTTCTTCT TTTGGTTTAA ATTGATTAC TTTTCTTCC GGCAATGTTT CAAATCGTAT 1020
 ACCGACCGTT TTCGCACCGT TTTCTTTTAA TGCATTAACA ACAGCCATCT GTAAATCTAA 1080
 5 aTTGCGtGCA CCACCTAATT GTGCCATTG 1109

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 223:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3997 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 223:

TCTTTATTTA AAAAAATGAT TGTCTAGTTT GTATCTCTCT GAAGATTGCG CAATAAATAA 60
 20 AAGCCGATAA CCGTATAATG ATTATCGACT TAAAGTTTAT GTGGCATTIT TTACTTTTGT 120
 AATTTACGGT GAGTTAGATG ATTATTATCA GATAGATTAT TGCTTATAAT CATATGATGT 180
 TTGAATGATA TCTTTGATTT CACTGATTAG TGCTTCTTTA GGATTAGCAG TTGTACATTG 240
 25 ATCTTCAAAT GCGAGCTCTG CCATTCTATC AATTGACTCA TTTAATTCTT CTTCAGACAC 300
 ACCTTGTGAT TTCAAATTCA TTTCAATTCC GACTGATTGA CCTAATTCGT AGACAGCTTT 360
 AgCTAATGAT TCTACGAGTG CTTCTGTCGT ATTACCTTTT AATCCTAAGA ATTTGGCAAT 420
 30 ATCTGCATAA TCTGTATCTG CTCTGAAGAA CTCATATTTA GGAATAATG CATGTTTTTG 480
 CGGGTCTTTG GCATTATAAC GGATAATATG CGGTAGTAAT ATCGCATTCT CTCTACCATG 540
 CGGAATACCA TATTCGCCAC CAATTTTATG CGCAATTGAG TGTGCAATGC CTAAGAATGC 600
 35 ATTTGCAAAT GCCATACCAG CCAAAGTTGA TCGGTTATGC ATTTTCTCTC TTGAAACTTT 660
 ATCA~~C~~CTTTT TCAACAGATG ATTTTAAATA TTCGAACGTC AATTTAATCG CTTGTAGACT 720
 40 CAA~~A~~CTCTT GTGTAGTCTG AAGCCATTAC AGATACATAT GATTCCATTG CATGCGTTAG 780
 TACATCCATT CCTGTATCTG CTGTAACGCT TTTTGGCACA CTCATCACAA ATTGAGGGTC 840
 AATAATGCA ACGTCAGGTG TTAAAGCAAA ATCAGCCAAC GGATATTTTA CATTTGTTTC 900
 45 ACTATCTGTG ATAAGTGCAA ATGGTGTTAC TTCTGAACCT GTACCTGATG TCGTAGGGAT 960
 ACAATGAAC GTCGCATTTT CAGGCATGCC TATTTTATAA GTACGTTTAC CGATGTCTAG 1020
 GAACTTTTGT TTAGCACCAG AGAATGATGT CTCAGGGTGT TCAAAGAACA TCCACATTGC 1080
 50 TTTTGACGCA TCCATCGCTG AACCACCACC AAGTGCAATG ATTGTATCCG GTTGGAAATC 1140
 AACCATCATT TCCAGACCTT TATATACTGT ATTAGTTGAT GGGTTCGGTT CGACTTCGCT 1200

	ATAACCGAAT TCTACCATAC CAGGGTCACA GACAATCATC ACTTTTTCAA TCTTGTCAT	1320
	TGTTGTTAGA CTCATGATTG CATTCTCTC AAAATAAATT TGAGCAGGCA CCTTGAAAAT	1380
5	TTGAGTATTA TTACGTCGTT TAGCAATCGT TTTAATGTTT AATAAATCTG TCGCACTAAC	1440
	ATTATGTGAA ATTGAGTTTC TACCGTAGaA CCACAACCTA ATGTTAAAGA CGGAATCAAT	1500
	TCGTTATACA TATCACC AAT ACCTCCAACC GCTGATGGTG TATTTACAAG TACACGACAA	1560
10	GCTTTCATT C TTAGTCCAAA ATCTTTTGT AATGTTTCAT CTTCTGTATG GATAACGGCT	1620
	GTGTGTCCTA ATCCACCAAA ATGTAGTGTG TCTTCACAAA TTTGAAATGC TTGTTTTGTA	1680
	GATTGGGCTT TTAATAAGGC TAATACTGGA GATAATTTT CACGAGATAA CGGATAGTCT	1740
15	GAACCTACAC CGCTAATTTT GGCTATGATA AGTTTTGTAT TTTCCGGGAC AGGTATACCT	1800
	GCTAATTCAG CTATTTCAAC TGCAGATTTA CCGACAATAT CAGGCTTAAT ACCTGTTTTT	1860
20	TGTTCAATCA TAATTGCATT TTCTAAGCGT TGTAATTCAT CTTTTTAAAC AAAGTATGCT	1920
	TGATGTGCTT TAAATTCATT AGTAACATCT TTATAAATTT CTTTATCAAT GACTACAAC	1980
	TGTTCAAGAG CACAAATCAT ACCATTATCA AATGTTTTTG AACCAATGAT ATCATTACT	2040
25	GCACGTTTAA TGTGTGCTGT TTTTCAATG TAAGACGGCA CGTTACCTGG TCCCACACCT	2100
	AATGCCGTT TGCCAGTTGA ATATGCAGAC TTAACCATGC CCGAACCCACC TGTGCTAGA	2160
	ACTAATGCAA TACCTTTGTG ATTCATTAAT TGTTTTGTG CTTGATAGA AGGCACTTCA	2220
30	ATCCACTGAA TAATATCTTT AGGTGCACCT GCCTTCATTG CCGCTTCTAA TACAACCTCT	2280
	GCTGCACGCT TCGACGATTC TTGTGCACCT GGATGGAATG CAAAATGAT TGGATTTCT	2340
35	GTCTTAATTG CAATCATCGC TTTAAAAATA GTTGTGACG TAGGATTTGT TGTGGCGTA	2400
	ACACCACAAA TAACACCAAT TGGTCCGCT ACATACGTTA ATCCTTTTTC TTTATCTTCA	2460
	CCAATAATCC CTACTGTCTT ATTGTCTTTT ATTGAATTC ATATATATTC AGAAGCGTAT	2520
40	AAATTTTAA TCGCTTTATC TTCGTATATA CCTCTCCAG TTTCTTCATG TGCTAATTTT	2580
	GCTAGACCA TATGTTGATC AACAGCTGCT AAGCTCaTT GATGAACAAT ATGATCAATT	2640
	TCTTCTGTG ACTTTTTAGA TAATGCTTCT AATGCTTTT TCCCTTTGTC AGCTAGAGCA	2700
45	TCAATCATAA TTGCCACTTC TTGTTCTTTC GATCCACGAT TTTCTTTTTC AGGTATAGTT	2760
	AACATATACA ACCACTCCTT TATACTTTGT GAATTATTC ACAAACATTA TAGTACATGT	2820
	CTCTCAGGAT ATAAAGAAAA TTCTATACAA AAAAGTTTAA TTTCGAATAT TATTTGAACA	2880
50	AATATCAAAT TTTAAATAA ATGTTTTCAT GAAATCATG TTATTTCCGT GTTTTAGAA	2940
	TGATTTTATA ATCATAATTT TTTCAATGAC ATAATTTATT CATAATTATA TATTTAATTC	3000

55

TCCTTGTCGA TACCTATCAA CAGATGTTAC AAATAAAAAC CaCCCGTGTG AACGGGTGGT 3120
 TTGTTCTGCG gCTATAAGCC TTCCTTACTG GCCaGCCCTA AAAGGGCACT GACAAGTCAG 3180
 5 CCAACTGCAC TACTATTCCA GCAATCCTAA AGGTTTACTC TTTTTCCTT CTTTTTTTAT 3240
 TTTTCTCTCC AGTGAAAGGA TCTAAATATT CTTCCATTGA AATTTCATCT GCAACGATAT 3300
 CCTCTTGTA TGGATTACGA ATATAATTTT CAATCACTTT TTTATTTCTA CCTACTGTAT 3360
 10 CCACATAAAA TCCTTTACAC CAAAACCTTC TATTTCCATA TCTATACTTT AAGTTAGCAT 3420
 GTCTATCAAA TATCATTAAA TTACTTTTCC TTTTAAATAG CCAACAAATG ATGATACCCC 3480
 15 AAGTTTGGGT GGTATACTTA CTAACATATG GATATGATCT TTACATACCT CTGCTTCAAT 3540
 TATCTCTACA CCTTTTCTTT CATATAATTG ACGTAATATA ATCCCTATAT CTTTTTTTAT 3600
 TTTTCCATAT ATCGCTTGTC TTCTGTATTT AGGTGCAAAG ACAATATGTT ACTTACAATT 3660
 20 CCATTTTCGTA TGTGCTAAAC TGTGTGTGTC AGATGACATT AAATAGCATC TCCTCGTGTT 3720
 GATTATTTTG GTTGGCTGAC CAATATTTAC TCTAACATGT AGAGATGCAT TTTTTTGACA 3780
 ATGGTAGAAC CTTTTCTGGG GAGTGGGACA GAAATGATAT TTTGCGAAAA TTTATTTTCGC 3840
 25 CGTCCCACCC CAACTTGCAT TGTCTGTAGA AATTGGGAAT CCAATTTCTC TTGTTGGGG 3900
 CCCC GCCCA ACTCGCATTG CCTGTAGAAT TTCTTTTCGA AATTCTCTGT GTTGGGGCCC 3960
 CTGACTaGAA TTGAAAAAAG CTTaTTaCAA GCGCATT 3997
 30

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 224:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1391 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 224:

GnGCGAGACA AACACACtTA TTGGTGCCAT TATmCcTAGA ATGaATTCaT ATGCAGTAGA 60
 TGaaCaATC AAAGGATTGG CAAAACAATG CCAAAAATAT GAATCaCAAT TAATTTTAAA 120
 45 TTACACAGGT TTAAATATCG AAGCAGAAAT ACAAGCGCTT GAAACATTAG CACGCaGTAA 180
 AGTAGATGGT ATTGTTTTAA TGGCTACAGA CATAACAGAG AGACATATTG AAGTCATTAA 240
 TAAAATGAAT GTACCAATCG TTATTGTTGG TCAACAACAT GAACAACTTC ATAGTATTGT 300
 50 GCATGATGAT TATAAAGCAG GTCAAATTAT AGGCGAATGG ATTGGTCAAC AGGGATATCA 360
 ACAAGTTGAA GTGTTTAGTG TAAGTGAAAA AGATATTGCA GTTGGTATAC ATAGAAAACG 420
 55

TACTTATGTG GAAGCACAAA AAGATGTTGC AAATGTTTTG GAAAATGTGG AGCAAGTAGA 540
 TCGGGTTGTT GGAGCAACTG ATACGATTGC ATTAGCTGCC TATAAATATT ATTCTGATAA 600
 5 AAAAGATGTT ATGAAACCAC ATCAAATATA TGGTTTTGGT GGTGACCCAA TGACACAATT 660
 AGTGTCTCCA TCGATAAAAA CAATTCATTA TAATTATTTT GAAGCTGGCC AATGCGCGAT 720
 GGaAGAGATA CAACAGATGC TTAAAAAGCA AGATATGCCA TATAGCGTCA CAGTAGATGT 780
 10 TAATATTTAG ACGCTGTATT TTTTAAATA AATGTGGAAC CGATACCATA TAACTATAAA 840
 TGGATAGGTT AAAAGTTAAA GAACGTAGGT AAAATTTGCT ATAATAGAAT ATAAATTGTT 900
 15 AACAGCATAA ATTATAAAG GAGGACTGGG TAAATATTAT GACCGAATGG ACTAGAGAAG 960
 AACGTTATCA ACGAATCGAG GACGTTGATA CTGAGTATTT TAAAACATTA AAACAACAAG 1020
 TTGATCAATC AAAATTTTCG CAACAATTTT ATATACAACC AGAAACAGGC TTATTAAATG 1080
 20 ACCCCAACGG ACTTATTTTT TATAAAGGGA AGTATTATGT TTCACATCAA TGGTTCCCAT 1140
 TAGGCGCAGT ACATGGCTTA AAGTATTGGT ATAACCTACAC GAGTGATGAC TTAATAAACT 1200
 TTAAAGCTGA AGGGCCAATT TTAAATCCAG ATACTAAATA TGACAGCCAT GGTGTATATA 1260
 25 GCGGTAGCGC TTTTGAATAT AACGGGCATT TATATTATAT GTACACAGGA AATCATCGAG 1320
 ATAATCATTG GCAACGACAT GCGAGTACAG ATGATCGCAC GATTGAAAGA AGACGGTTnC 1380
 AGTTGGnAAA A 1391
 30

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 225:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 930 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 225:

ATTTATTTTA ATGTTTATAT TTTCTAACAC TTTTTTATGA TCATAGTAGT AATTGACATT 60
 TTTCAATTCA AAGACTGGTG TCATCGTATC TCACCTCGCA TTCAACTATA CAACTCCTAG 120
 45 TAACATATGT AAACAGTAAT GTTTACGACT CAAAATTAGA CAAAATAAAG AGATATGCCC 180
 CCTTCAAGTT TTATTTATCG CATTTCTTGA AGAGAGCATT ATCATTTTAT TGTTCATAA 240
 CCTTATTTTT TAATTCTGGG TCAAATTGCT GTTGTTTTAA CATTTCAATT TCAAGTTTAT 300
 50 ATGGCGGTTT TTTATTTTTC TTATCTTCAC CAACATAAGG TGTTTCTAAG ATTTTCGGAA 360
 TATCTTTAAA ACTATCATGA TGCACAATGT AATTTAATGC ATCAAAACCA ATGTAACCGA 420
 55

GAACAACTTT GATTCTGTCG ACTCCAATGA TTTTATCAAA TTCATTTAAT ACGCCATCAA 540
 AGTCCTCTTT AACATTATAT CCAGCATCAT GCGTATGACA TGTATCAAAA CATACTGATA 600
 5 AACGTTTCGTT ATTATGAACT CCATCAATAA TACGTGCTAA CTCTTCAAAT GAGCGACCAA 660
 TCTCTGTACC TTTACCTGCC ATCGTTTCAA GCGCAATACG TACATTATTG TCATTCGTTA 720
 AAAC TTCATT TAATCCTTCA ATAATCTTAT TAATCCGGC ATCAACACCA GCTCCAACAT 780
 10 GCGCACCTGG ATGTAATACA ATATCTTTAG CCCCTATAGC TTGCGTTCTk TCaATTTCTT 840
 GTTGCAAGAA ATCTACACCA AGATTAAACG TTTCTGGTTT GGTTGTAttG CAATaTTaAT 900
 15 GATGTATGGT GGCATGAACA ACAATATTAG 930

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 226:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1984 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 226:

TGACGCACCA ATTTATAACG CAATTGACAA AACAATTAGA TATACCTGTG AAATTTGTAC 60
 CTGGAAACCA TGATTTATGG GAAGTTGAAA GTATGACTAC GCAAGACATT TGGAATAATT 120
 30 ATAAGAGTAT GTCACAGTGC TTGGTAGGAA AACCATTAT AGTAAATGAA GAATGGGCAA 180
 TCATAGGACA TACTGGCTGG TATGATTATA GCTTTCAGC ACAACGATTT TCATTAGATG 240
 35 AGTTACAAAA AGGAAAACAT TATGGTGCGA CTTGGCAAGA TAAAGAACGA ATATCTTGGG 300
 GCATATCAGA TCAAAATTTA TCTAAAATAG CGGCTGAACA AGTGAAGAAA GATATATTAG 360
 AAGTGGGAAA TAGACGAGTG ATTTTAGTCA CACATGTTGT GACGCACCCT GATTTCAATTG 420
 40 TTCCTATGCC GCATCGTATA TTCGATTTTT ATAATGCATT TATTGGGACA AGTGATTTC 480
 ATCCTTTGTA TGCGATGTTT GATATACCAT ATAGTATTAT GGGCCATGTT CATTTTCGTA 540
 AAAGTGTGAT AGATGATGGC AGATGTTATC TCTGTCCGTG TCTAGGCTAT CCAAGACAAT 600
 45 GCGGTTTACA AGATATTTAC CAGGAAATAA ATGAGACGAT ACAAATAATA GAAATTTAAA 660
 ATGCGCAAAC CTGACCCAGT TTGCGCATTT TATGTTTTAC ACACGCGAGT AATGTGTTTA 720
 CTTACGTGTG TTTATTTTGT TGCTGATTTT CAATTGTATA TGAATGTGGT TGCACATAAA 780
 50 TGCACCTTCT TCCTGGTGAA TTAAAGCTGT ATTCCATTTT CTCTTACGA ATTTTAATAA 840
 TTTGTTTTCG ATTTGGAATG ATGGCAGGTA AAAGTAGGCC ACGACGAATA TGAATCAAAA 900

TTGAAACTTG TTTCGCTGGC TTGTTATCAA AGCGGAAAAC ACGTAGTAAT GGTTTAGAAC 1020
 CAAGATTAGT ATGGTATATT AACACAGGTT GACCTTGATC GATAATACCT TTAAGATCTT 1080
 5 CTAACGATTT ACCAGTGCCG TCTACGATAT TAGGATTGTA TTTTGTAAA AATGGTACAT 1140
 ATGCTTCTGG AAATATCGTT TGATGATAAT TGCCAAGCTT AATGAATAAG TGATGTCCAA 1200
 CATAACCTTT ATGTGGATTG TTCGGATGTG TCGGCCAATG TCTCATAATT TCTGTAGCAG 1260
 10 GGATATGTTG GTTGTGTAT TGCAACATCA TGGCTGCGGA AACACCTTCA CACCCCATGA 1320
 CCATAGGGAT AGGAAATAGC TGACTGATAG GTTTAACTGG TAATATTTTT CGGTTCATAA 1380
 TATAGTCCTC GCATTGATTC AATAAATATT TAATATAATT ATATAGCGTC AATGCAAAAT 1440
 15 GTCCTAAACA TATGTTTTAC ATGAGTGAAT AAAATTAATG GAGTGATAAA ATGGAATATC 1500
 AATTACAACA ACTTGCGTCG TTAACGTTAG TAGGTATTAA AGAAACGTAT GAAATGGAC 1560
 20 GACAGGCTCA GCAACATATA GCAGGGTTTT GGCAAAGATG TTATCAAGAG GGAGTAATTG 1620
 CGGATTTACA GTTAAAAAAT AATGGTGATT TAGCCGGGAT ACTTGGCTTA TGTATACCTG 1680
 AATTAGACGG TAAGATGTCA TATATGATTG CAGTTACCGG AGATAATAGT GCTGATATTG 1740
 25 AAAAATATGA TGTCAATAA TTAGCAAGTT CAAAGTATAT GGTATTTGAA GCACAGGGCG 1800
 CAGTACCTAA AGCAGTTCAA CAAAAAATGG AAGAGGTTCA TCACTACATA CATCAATATC 1860
 AAGCAGATAC GGTAAATCA GCACCATTTT TTGAGTTGTA TCAGGATGGT GATACTACAA 1920
 30 GTGGAAAATT AATATTACCA GAAATTTGGG ATnCTGTGA AAGGGGTGAT TGAAATAnGA 1980
 AnTG 1984

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 227:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 6373 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 227:

45 GATTCCACGT GTGTTAAAAG AAGTTACAcC TTCAATGATG GTATTTACTA ATTTCTTTAG 60
 AGATCAAATG GATCGCTTCG GTGAAATTGA TATTATGGTT AATAACATTG CAGAGACAAT 120
 TAGTAATAAA GGCATCAAAT TATTGCTAAA TGCTGATGAT CCATTGTGA GTCGTTTGAA 180
 50 AATCGCAAGT GATACGATTG TGTACTATGG TATGAAAGCA CATGCCCATG AATTGAACA 240
 AAGTACGATG AATGAAAGTA GATATTGTCC AACTGTGGT CGCTTATTGC AATACGATTA 300

	AAAATATGAA ATATCAAGTT TTGATGTGGC ACCGTTTTTA TATTTAAATA TCAATGATGA	420
	AAAATATGAT ATGAAAATTG CAGGTGACTT TAACGCTTAT AACGCGTTAC AGCATATACT	480
5	GTTTTAAGAG AGCTAGGGTT AAATGAACAA ACAATTAAAA ATGGCTTTGA AACGTATACA	540
	TCAGACAATG GTCGTATGCA GTACTTTAAA AAAGAACGAA AAGAAGCGAT GATCAATTTA	600
10	GCTAAAAATC CTGCAGGAAT GAATGCAAGT TTATCAGTTG GTGAACAATT AGAAGGCGAA	660
	AAAGTGTATG TTATTTGCT AAATGATAAC GCTGCAGATG GTCGAGATAC TTCATGGATT	720
	TATGATGCAG ATTTTGAAAA ATTATCTAAG CAACAAATTG AAGCTATCAT CGTGACAGGT	780
15	ACACGAGCAG AAGAACTTCA ATTGCGATTG AAGTTAGCAG AGGTTGAAGT ACCAATTATA	840
	GTTGAGCGTG ATATTTATAA AGCAACGGCA AAGACTATGG ATTATAAAGG TTTCACAGTT	900
	GCAATACCAA ACTATACATC ATTAGCGCCT ATGCTTGAAC AATTAAACCG TTCGTTTGAA	960
20	GGAGGTCAAT CATAATATGC ATGAATTGAC TATTTATCAT TTTATGTCAG ATAAATTGAA	1020
	TTTATACAGT GATATAGGAA ATATTATTGC TTTAAGACAA CGTGCTAAAA AACGAAATAT	1080
	TAAAGTTAAT GTCGTAGAAA TCAATGAAAC AGAAGGTATT ACCTTTGATG AATGTGATAT	1140
25	TTTCTTTATC GGTGGTGGAA GTGATAGAGA ACAAGCATT GCAACAAAAG AATTAAGTAA	1200
	AATTAAGACA CCACTTAAAG AAGCGATTGA AGATGGTATG CCGGGATTAA CGATTGTGG	1260
30	AGGCTATCAA TTTTLAGGGA AAAAATATAT CACGCCTGAT GGTACAGAAT TAGAAGGGTT	1320
	AGGTATTTTA GATTTTTATA CTGAATCAAA GACAAACCGA TTAACAGGAG ATATTGTTAT	1380
	CGAAAGTGAT ACTTTTGGA CTATTGTAGG TTTTGAAAAT CACGGTGGTA GAACATATCA	1440
35	TGATTTCCGT ACACTTGCTC ATGTTACTTT TGGTTATGGT AATAATGATG AAGATAAAAA	1500
	AGAAGGCATT CATTATAAAA ATTTATTAGG TACTTATTTA CATGGACCAA TTTTACCTAA	1560
	AAATTACGAA ATCACTGATT ATCTGTTAGA AAAAGCTTGT GAACGTAAGG GTATTCCGTT	1620
40	TGAGCCTAAA GAAATAGATA ATGAAGCGGA AATACAAGCG AAACAAGTAT TAATAGACAG	1680
	AGCAAATAGA CAGAAGAAAT CTCGTAACT CTGAACATCG CATCAATGGA TTTAATATTG	1740
45	ATAACGATG AAGTTTAGTA ATTAATCATA TATGTATAAA CACACACATT ATTTTGGATG	1800
	GAAACAACCA AATTGATGTG TGTTTTTTTG TTCTAGTGAA TAATTATTAT ACAATGAGTA	1860
	TCTATCCTAG AATTATCAAT AGTAATGGTG ATTATGCAAC ATGAAAAAAT GAATGATGAA	1920
50	AGGAATTTGA CGATGAAGCC TACTAAAGTG ATATTAAAAG ATGCATCTTA TTTACATAGC	1980
	AAAACATCGA TAACATTTAT TTTAAAAGAT GTAGTTATCG AAGAAGATAA TAAAATTTAT	2040
55	TATTTGACA CTAGTGCACT TTCGAAGATC AAGAAGTTAA ATTTGAATTT GCACTCTTTG	2100

	TTATAGAACC TGATTTACAT TTTACAATTA TTGATTTTAA TCAAGAACTG CTTTGTATTT	2220
	ATATTGATTT TGATTCTGGT TTAAGGCATT CAAACATGGC AACAGAATCT GGTATTTTCAT	2280
5	TAAGGATAAA TGTGCTAAA TCAGATTTTA CTAAATTTAT TAATGAATTA GCCTCTTTAC	2340
	ATTAATGATT TAAATCTGAT ATGTAATTAC AATCAAAAAA GACAGCCACA TCCCTCCGTA	2400
	GTTTAGGCGT GTGGCTATAT TTGAGTCTGA ATATTTATGC TTGTAATTTT AAAAAGGGAC	2460
10	ATGCTATATA CGATAAAAAG AGGCGGGGAC ATAAATCAAT GTTCTATGCT CTACGAAGTT	2520
	ATATTGGCAG TAGTTGACTG AACGAAAATG CGCTTGTAAC AAGCTTTTTT CAATTCTAGT	2580
15	CAGGGGCCCC AACAAAGAGA AATTGGATTG CCAATTTCTA CAGACAATGC AAGTTGGGGT	2640
	GTGGGCCCCA ACACAGAGAA TTTCGAAAAG AAATTCTACA GGCAAAGCGA GTTGGGGTGG	2700
	GACGACGAAA TAAATTTTAT GAAAATATCA TTTCTGTCCC ACTCCCATGG TGCCAATTAG	2760
20	CATAAGGTAC TTAAATTAAG CATATCTGCT GTCTAGCAGT CGATAAATCA TTAGAATTC	2820
	GTATAGTATA TGACTTTTAA TTTGATTTTC ACCACTAATT TCAAGTGCTT TTATAGTCGA	2880
	ACGTAAAGTT TCTACAGAAT CATCTTCTCT CTTAAAAGAA CCATCATAAA ATATATCTTT	2940
25	GATGCTACTA CTAATTTTTA GCAATGCCAT TTTTTCGTCA CCTGAAAAGT TAACACGAGT	3000
	ATTTTTAGGC AAGTAAATGA TATTTGATAA ATGAGTGATA AACAAACGAT TCGTATATGC	3060
	ACGTTTAGTT AATTGATTGA GTAATTTCCA ATCACAATCT TTTTCTTAT GATAGCTTAA	3120
30	TTCATCACGT TGATAACTTA TTAACGTTTC AACTTGATTA TTTAAATTGA AAATATTTTT	3180
	ATATGCTTTT TCGCTTTTAT CAGATTGCAG TCTTGATAAG ATAAGTTCTT GGCAGCGATT	3240
35	GTAAATAAAT TTATACATCA AGGCATCTGT CTTACTTAAT TTTTCTTCGA CCTGACCATA	3300
	ATACTTAGGT GGAAACACCA TGAAGTTAAT TAAACCTGAT GTCACGAGTC CAATAATTGC	3360
	TGTCAATGTT CGAGACAAAA AGTTGAATAT GTAGGCATCA TGAATACCTG GAATCATAGC	3420
40	TAATGATGTT AGTACAGCGA CATTCGTACC AACTTGCAAT TTGAGTTTTG TACAGAATAA	3480
	AATCGTGAAC GTTGCACTCA ATGCATATGT AAAAGGTGAT TGATCGCCGA ATAAATATGT	3540
	AAATAATACT GCAAAGCCTG CACCAATTAC CGTAGCAGGT AATCTACGAT AACCTTTAAT	3600
45	AAGTGATGCC TTGGCAGTTG GTTCAATTGT GACTACAGCT GTTAAATGG CATAGATGGG	3660
	TGTTAAATCT AGTGCCATAC AAAAGACAGC TGTTAAAAAA ATGGCAATAC CAGTTTTAAT	3720
	TGTTCTGGCA CCAATTAAAT GTTTATACCA TTGATCGTTC ATTTTTTAAC CTCTAATCAT	3780
50	CGTAAATCT TAGCGAGCGC TTTATAATAA TAGTATCGTA CATTGGAAAA GTTCATGTAT	3840
	GTAAATATT TGAAATAATC ATACATAAGC ATTACTTTGA TTTTCATATA CATTAAATCAA	3900
55		

	CAAGCATT	TTT TCAATTATAG	TCCGGGGCCCC	CAACATAGAG	AATTTCAAAA	AAGAAATTCT	4020
	ACAGGCAATG	CAGGTTGGCG	GGGCCCCAAC	ACAGAAGCTG	ACGAAAAGTC	AGCTTACgAT	4080
5	AATGTGCAGG	TTGGCGGGGC	CCCAACATAG	AGAAATTGGA	TCTACAATTT	CTACAGGCAA	4140
	TGCAAGTTGG	GGTACAACGA	TAAAGAAATA	TTTTTCTTT	ATCACACTAT	GTCTCACTCA	4200
	CTTTCCAAAA	TACTAAAGTA	ACATCTTTAG	TATATCAAAG	AATTTTTGCT	ATAATAAGTT	4260
10	ATAATTATAT	AAAAAAGGAA	CGGGATAAAA	TGATTGTAAA	AACAGAAGAA	GAATTACAAG	4320
	CGTTAAAAGA	AATTGGATAC	ATATGCGCTA	AAGTGCACAA	TACAATGCAA	GCTGCAACCA	4380
15	AACCAGGTAT	CACTACGAAA	GAGCTTGATA	ATATTGCGAA	AGAGTTATTT	GAAGAATACG	4440
	GTGCTATTTT	TGCGCCAATT	CATGATGAAA	ATTTCTCTGG	TCAAACGTGT	ATTAGTGTCA	4500
	ATGAAGAGGT	GGCACATGGG	ATTCCAAGTA	AGCGTGTCTAT	TCGTGAAGGA	GATTTAGTAA	4560
20	ATATTGATGT	ATCGGCTTTG	AAGAATGGCT	ATTATGCAGA	TACAGGCATT	TCATTTGTCTG	4620
	TTGGAGAATC	AGATGATCCA	ATGAAACAAA	AAGTATGTGA	CGTAGCAACG	ATGGCATTTG	4680
	AGAATGCAAT	TGCAAAAGTA	AAACCGGGTA	CTAAGTTAAG	TAACATTGGT	AAAGCGGTGC	4740
25	ATAATACAGC	TAGACAAAAT	GATTTGAAAG	TCATTAAAAA	CTTAACAGGT	CATGGTGTG	4800
	GTTTATCATT	ACATGAAGCA	CCAGCACATG	TACTTAATTA	CTTTGATCCA	AAAGACAAAA	4860
	CATTATTAAC	TGAAGGTATG	GTATTAGCTA	TTGAACCGTT	TATCTCATCA	AATGCATCAT	4920
30	TTGTTACAGA	AGGTAAAAAT	GAATGGGCTT	TTGAAACGAG	CGATAAAAGT	TTGTTGCTC	4980
	AAATTGAGCA	TACGGTTATC	GTGACTAAGG	ATGGTCCGAT	TTTAACGACA	AAGATTGAAG	5040
35	AAGAATAGTT	CAACATATAC	TAAGACTAAA	GTATGAACAT	CATTTAGTTC	CGGAGCCTAT	5100
	TCATATTGGT	TTCGGAACTG	TTTTATAATA	ATTAAGAACA	CAATCAATGC	GTCATTTCAA	5160
	AAATATGTTG	TAACAAAGTA	GTTTTTAAGC	AAACATATCA	TCGACATCAA	CGAAGATACA	5220
40	TAGCGCATTT	GGTATTTTAA	AACTTATTAT	AAAAGGTGAT	AGTTATGAAC	TATGTTGAAC	5280
	GTTATATTGA	ACAGTTTTTG	AGAGCAACAG	TAAGAAATAA	TATCAAGCAC	TACCTTTTAA	5340
	TGCTAGATGA	AAAAATGAAA	AATTTAGATG	ATTATATGCG	TTATTTAATT	ACTAAAAAAG	5400
45	AACAACTTAG	CAAGTTAATT	GACAGTCTAA	TGCTAACATT	AGAAAATAAA	TATATTGATA	5460
	TTGCTGAAGC	ATTCAAATT	CAATGTGCAA	GAGAAATCAA	TAATCAAGAA	ATTGAAAATA	5520
	TTAAATCAGA	GTTGAATAAA	GTTGAAGCAT	ATTATGCACA	AATTGAAACT	CAAATTCAAC	5580
50	AAACTTCAAC	TGAAAAAATA	GCAACAGAAA	AAACATCGTA	TCTAATAAAT	TATATGAACG	5640
	CTGTGGCATA	GAAAGGCGGC	GAAACATGAC	ACACAAATAT	ATATCAACGC	AAATGTTGAT	5700
55							

CTTTTTACTC GTTCTATTAT TGGGATGTGT ATTAGTTTAT GTAGGATATC TTTATTTTCA 5820
 TAAATACGT GGCCTTTTGG CGTTTTGGAT AGGCGCGCTA TTAATTGCAT TCACATTATT 5880
 5 GTCTAATAAG TATACAATCA TCATCTTGTT CGTCTTTTTA TTATTACTTA TTGTGCGTTA 5940
 TTTAATACAC AAGTTTAAAC CAAAAAAGT AGTTGCGACG GATGAGGTTA TGACTTCACC 6000
 ATCTTTTATT AAACAAAAGT GGTTTGGTGA GCAACGTACA CCAGTTTATG TATATAAGTG 6060
 10 GGAAGATGTA CAAATTCAAC ATGGAATTGG CGACCTACAT ATTGACTTAA CAAAAGCTGC 6120
 AAATATTAAG GAAAATAATA CCATTGTTGT TAGACACATT TTAGGTAAAG TGCAGGTTAT 6180
 ATTGCCGGTT AATTACAATA TTAATTTACA TGTAGCTGCT TTTTATGGAA GTACTTACGT 6240
 15 GAATGAAAAA TCATATAAAG TTGAAAATAA CAATATTCAT ATTGAAGAAA TGATGAAACC 6300
 GGATAACTAT ACAGTTAATA TCTACGTATC AACGTTTATC GGAGACGTAG AGGTGATTYA 6360
 20 TCGATGAAYC ACT 6373

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 228:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4488 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 228:

ATAGnGAAAG CGTTTTACAC TTAATAACTC CCTCTTAAAT GCATCCAGGT TCTATGTAGT 60
 35 AAATCATGAA nATAACATAT AAATnTAGAG GAGATTTACC TTTGAATACA GAGAACAACA 120
 AGAATCAAAA CCAATCTGTT AAAAATTCTG AAAGaCGCGG CATGTTAAAA GGATGCGGCG 180
 GTTGCCTTAT TTCTTTTATT TTATTAATAA TCTTATTATC AGCCTGTTCA ATGATGTTTA 240
 40 GTAATAATGA CAATTCCACT AATAATCAAT CATCAAAAAC GCAATTAAC TAAAAAGATG 300
 AAAATAAAAA TGAAGATAAG CCTGAGGAAA AATCAGAAAC AGCAACAGAT GAGGATTTAC 360
 AATCAACCGA AGAAGTACCT GCAAATGAAA ATACTGAAAA TAATCAACAT GAAATTGATG 420
 45 AAATAACAAC AAAAGATCAA TCAGACGATG ATATTAACAC ACCAAACGTT GCAGAAGATA 480
 AATCACAAGA CGACTTGAAA GATGATTTAA AAGAAAAGCA ACAATCAAGT AACCATCATC 540
 AATCCACGCA ACCTAAGACC TCACCATCAA CTGAAACAAA CACGCAACAA TCATTTGCTA 600
 50 ATTGTAAGCA ACTTAGACAA GTATATCCGA ATGGTGTAC TGCCGATCAT CCAGCATATC 660
 GACCACATTT AGATAGAGAT AAAGATAAAC GTGCATGTGA ACCTGATAAA TATTAAACAA 720

	GGGAGATTTT TTAGGCATGA GCAATCAATT CAAAAGCGAA GAAGAGCGAA GACAATGGGA	840
	ACAATTCCAA GCTTTCCAAA ATCAACAAAA CCAACAGAAC CAGCAATACG GACAAAAGAA	900
5	ATCTAAAAA GGATGGTTCT GGGGCTGTGG TGGTGTCTA GTATTATTTA TTTTAATTAT	960
	CATCGGTATT TCAGCTTGTA CAGCTGGTAT TACAGGTAAC CTTGGCGGAA ATAGTTCTAA	1020
	AGAAACGAAC AAAACCCATA AAATCGGTGa AACTGTTAAA AATGGCGACC TTGAAGTCAC	1080
10	TGTAAATTCA GTGGAAACTA TGAAATCTGT AGGACCATCT CTTGCACCAA CAAACGCTAA	1140
	AGGTATATTT GTCGTTGCTG ATGTGACGAT TAAAAACAA GGTAAGAAG CGTTAACAAT	1200
	TGATAGTTCA ATGTTTAAGC TAAATCCGG TGATAAACA TTTGAAGCAG ATAATACAGG	1260
15	TTCAATGTCT GCTAATCAA GTGACAATGG TAGTATAGAA AATTCATTTT TCTTACAGCG	1320
	TATAAATCCA GATAGCACTG CTCAAGGTAA AATTGTTTcG ATGTGTCAGA AAACATAGCC	1380
20	AACGCAAAaG ATAAAAAATT AGAAGTTATT TCTAGTTTAT TTAGCGTCAA GAAGATTACA	1440
	TTTGATTTAT CCGATGCTAA AAAACATCA AAAGCTAAAA AAGACAAGCA AGATACAGAA	1500
	GTAGCTGTTG CGAGTTCAAA TAGCGATAAT GTAAGTTATG AAGCTTCGGC TACTACACCT	1560
25	GcTACAACCT CTAGTGCGGA TACTGATTCT GAAGATAGCG AAAAGTCTAG TAAAGATGAG	1620
	GATAAGCAGA ATGCGTCTAA AaGTGATAAA TCTAGTGTAG AAAAAAGTGA ATCTAATGAG	1680
	GAAACTGCTC CTGTAGAGCC CATGCCCCAT AGCAAACCTA CCACTAGTGA aGCACCACCT	1740
30	AGCCAAAATA TTCACAaTGa AGATAGCmTG TACGACGCTT CAACAGAATA AAATtnyCAG	1800
	tAGCTCGGCT ACCCTTCTTT TACGGAAAAA TTAATTATAC ATAATCaAAT CaAGGAGATA	1860
35	AAAAAATGAA ATTCAAAGCT ATCGTTGCAA TCACATTATC aTTGTCACTA TTAAGTGCCT	1920
	GTGGTGCTAA TCAACATAAA GAAAATAGTA GTAAATCAAA TGACACTAAT AAAAAGACGC	1980
	AACAAACTGA CAACACTACA CAGTCAAATA CAGAAAAGCA AATGACACCA CAAGAAGCCG	2040
40	AAGATATAGT TCGAAACGAT TACAAAGCAA GAGGCGTTAA TGAATATCAA ACATTAAATT	2100
	ATAAAACAAA TCTTGAACGA AGCAATGAAC ATGAATATTA TGTGTAACAT CTAGTCCGCG	2160
	ATGCAGTTGG CACACCATTA AAACGTTGTG CTATTGTTAA TCGACACAAT GGCACAATTA	2220
45	TTAATATTTT TGATGATATG TCAGAAAAAG ACAAAGAAGA ATTTGAAGCA TTAAAAAGA	2280
	GAAGCCCTAA ATACAATCCA GGTATGAACA ATCATGATGA AACAGATGGT GAGTCAGAAG	2340
	ACATTCAACA TCATGACATT GATAATAACA AAGCAATTCA AAATGACATA CCAGATCAAA	2400
50	AAGTCGACGA TAAAAATGAT AAAAATGCTG TTAATAAAGA AGAAAAACAT GATAATGGGG	2460
	CAAATAATTC TGAAGAACT AAAGTTAAAT AATGGCATAC TTTGATTAAT CGTAATTTTT	2520
55		

	ACTATGCATG GTCTTTTAA TCAACTTAAA CTCGGCATT TTTCAATCGA AAACGCAGAG	2640
	CATACGCTTT TTACACCTTA TATGTTGGAA ACGCTCTCTT CCCTAGGCGT GAAAGACAGC	2700
5	ATTGTCGATT TAATTCATAA AGGGACTGAA TTAGAAGACT TTGCGGCATT TAATTTATCA	2760
	ATTGAAGACA CAGTTACAGT CTGTTTACAA AGAACTGAAG AACTATTAAA ACAATACAAA	2820
10	AATGTGGAAT TCAATGACAA AATATTAAAT AATTGGCGTA TTATACAAGA GAAATAGACA	2880
	TATAAAAGTC GAATGTAACt ACGTGAGTAT TGATTTTATT CTTTGTAAT TACAAGCATT	2940
	TCATATTATA AAGTTTGAAA AGAGGTATAT TGAAATGGAG AAAAATGAAT ATATAGCTAA	3000
15	ATATAATGAA TATAGTCAAT TATTAGACGC TACATACTCG CAAGCTGTAG CATmCCTTTT	3060
	AAGtAAATaT GGCGCTGTAA CCGATGATTA TTATAAGaA AAATCATACA CGCGATTTTT	3120
	AAAtGGAGnA ATCAAAAGTA TTTCAAAAGG AAAATACACT AGAGCTAGCG AaGGATTATA	3180
20	TTGCCATCAT ATAAGCGAGG ACAAATCCA AAATCTATCT GATCTAAGAT TCATtTCCAA	3240
	ATTTAAGTAC TCATACGACG TTCAAAAGAA AGAAACTTA GTGTACTGTG ATCTAATCGA	3300
	GCATTTAATT TTACATGCAA TTATTACAAA AGAATCCCAT GGCCAATTG GTGTAGCTGG	3360
25	ATTATGTCAA ATGATCAAAC CAACAGTCAT TGATTGGTAC ATTGGCGAAT ATAATCCAAA	3420
	ACCAGCATGG ATGCAAGCCA CCAAAGCAGC TGCCTATTTG CCTGGAATAT TAGTAGAGAA	3480
30	ATTACTCATT AAAATTGACG ATATGTTAAA AGGAATAGAA ATATAAGATT TCCTTGAGTC	3540
	TAGATAAATG ATTAATGTAG ATTTATTTTT TGCTGTTGAG ATTTTGTAT AGATGTTTAA	3600
	ACCTGTAATT AAATATATTT TATAAAATAG ACCACGCATA CCTATCTATA AACGGrCAAT	3660
35	GTTTATAAAT GAGTTTGCAT GGtCTTGAAT TGTATTAAAT TTCTTTTGGT TTTAATAAAT	3720
	CGACTAGATT TTCACAATAT TTATCAAATA TGTATTCTTA AATTATACAG CCTTAATCCA	3780
	GCACTIACCT TCGAAACTTC CAACCTAGTT GATATAAGGT TCAATAGTTT GTTTCGTTCT	3840
40	TTTTCAGATA AACCAGAACT TAAATTGATA TTATTGACTT CATAAAAATT ATAGACTAAT	3900
	GCCTCTATTT GCTTTTTAGG CATAAGTAAG TCGACTGAAA ACTGATTTAC GTCGCTTTCA	3960
45	TAAATCATT CATGTAAATT CTTTAGACTA TTATCGTTAC TATCTCTCAT TAAGTCGTGA	4020
	TTTTTAAATA AATAACGGCC CAATTCACGA GCTATTGAAA ATCTTGATTT ATTAATCGAG	4080
	TGATTATTAT TAATATAGAT TGTTCTTCCA CTTAAATAAC CCGAAGTATT ACCCTCCATT	4140
50	TTAATATATC TAACATTAA ATTAAGTTGA AATAATAGCT TGTCTATGTC AATAGCAAAG	4200
	TGTTCAGAAG TAATAAAAAG TTGATCCATT TTGTCCTTTA TAAATGCCTG AAATAATCGA	4260
	ACTATTTTTG ATTCTAAAAT ATCTTCATAA TGAACCTTCT CAATAACTTT CAATTGATTC	4320

55

AACATTATTA AAATAAAACC CCTCTACTAC TATATGTAAC GAAGGGACAT GATTTCAAAA 4440
 TAAAAATACCT TTTTATATAA TnTATTATAA TATCCCCAC TATACnAC 4488

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 229:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 846 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 229:

TATGGCGCCA TATTAGTTGT AACTGGTTTA AGAGGTCCaA GAAaTATCaA ATAAAGTTGT 60
 tCCTGGGCTT GGTACTGTTA TCTCaATATT GmWIGCaTTT GGTGGTCTAG CTTTAAATAT 120
 TGTAATATT GCTGGTGCCG GTTAGGTTT AAATGCAATT TTTGGATTAG ATGTAAAATG 180
 GGGCGCAGCT ATTACTGCAA TCTTTGCAAT ATTAATCTTT GTAAGTAAAA GTGGCCAAAA 240
 AATTATGGAC GTTGTTCaA TGATTCTTGG TATTGTGATG ATTTTAGTTG TGGCATATGT 300
 GATGTTTGTT TCTAATCCAC CTTATGGTGA TGCTTTTGTTG CATACTTTG CGCCAGAACA 360
 TCCAATGAAA TTAGTCTTGC CCATCATTAC GTTAGTTGGT GGAaCTGTar GTGGTTATAT 420
 TACCTTTGCA GGTGCACATC GTATATTAGA CTCTGGCATT AAAGGTAAGC AATATTTACC 480
 ATTTGTAAAT CAATCAGCAA TTGCTGGTAT TTAACTACA GGTATTATGA GAACGTTACT 540
 ATTCCTAGCG GTATTAGGAG TTGTTGTAAC AGGTGTGACA CTAAGTTCTG AAAATCCACC 600
 AGCGTCAGTT TTTGAACACG CAATTGGACC AATTGGAAAG AATATTTTTG GTATTGTGTT 660
 ATTTGCTGCA GCTATGTCAT CAGTAATTGG CTCAGCATAC ACAAGCGCAA CATTTTAA 720
 AACaTTTCAT AAATCACTTA ACGAAAGAAG TAATTTAATT GTGATTGTGT TTATCGTTAT 780
 TTCAACAATG ATTTTCTTAT TTATTGAAA ACCAATCAGC CTTTAAATTA TAGCAGGCGC 840
 GATAAA 846

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 230:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2072 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 230:

TCTTTTAAAA AGGTACTAAT ATTTCTTTAG TGAAAATTGA ATCACGGTCG TTTATTGGTG 120
 CCTTGAGTAT ATTATTATAG ACGGAATCTG ATCTAATAAT ATTGATTTTA TACATGATAA 180
 5 ACCTCCTTAT GTTGTCAGCA TAAAGGATAA CGTAACGTGA TTTTCAAGCA GTAATTGTAA 240
 CTAATTGAmA AAAATTAAGA AAAGTATGTG AGTGTTCCTA AwTAATATGa TTAAAAATGAT 300
 GGCGAATAAG TGTCTaAAAAG CATCTTAAAG GGACATTGTA TAGGGTAAAT CACTTCATAA 360
 10 ATAAGGGaAA ATCCTTATGT TCACTTTTC ACAATCATnA TAAATATAT ATGTAGTCAA 420
 TACTTTGTCT ATATTGAATG TTTTCATATA AATGAAAGCA TTTTAAATA ACATTGACCT 480
 CTAATATATA GGCAGAGTAT TGATATCTAT TAAAAATAA ATGATTTTGA TGAAGGTGAA 540
 15 ACGTATGTAC AAAACAAAAG GTGGCTTTC ACTTACATTA CAAACATTAA GTTTAGTGGT 600
 TGGGTTTATG GCTTGGAGTA TAATTGCGCC ATTAATGCC CTTATTAAAC AAGATGTCAA 660
 20 TGTTACTGAA GGTCAAATAT CAATCATTTT AGCGATACCA GTTATTTTGG GATCGGTGCT 720
 CCGTGTGCCA TTTGGTTATT TAACAAACAT TGTTGGCGCT AAATGGGTAT TCTTTACTAG 780
 TTTTATCGTA TTGTTATTCC CGATATTTTT CTTAAGCCAA GCACAAACAC CGGGTATGTT 840
 25 AATGGCTTCA GGATTTTTCC TTGGTGTAGG TGGTGCAATT TTCTCAGTTG GTGTTACATC 900
 AGTTCCTAAA TATTTCCCTA AAGAAAAAGT AGGTCTAGCA AATGGTATTT ATGGTATGGG 960
 AAATATCGGT ACAGCAGTTT CTTCATTTTT AGCACCACCG ATAGCGGGTA TTATTGGTTG 1020
 30 GCAAACAACA GTTAGAAGTT ACTTAATTAT TATCGCTTTA TTTGCATTAA TTATGTTTAT 1080
 TTTTGGTGAC ACACAAGAAC GTAAAATTAA AGTACCATTA ATGGCtCAAA TGAAAmCATT 1140
 ATCTAAAAAC TACAAATTAT ATTACTTAAG TTATTGGTAT TTTATTACTT TTGGTGCTTT 1200
 35 TGTAGCATTT GGTATTTTCT TACCTAACTA CTTAGTAAAT CATTTTGGAA TTGACAAAGT 1260
 AGATtCTGGT ATTCGATCAG GTGTATTCAT TGCCTGGCA ACATTCTTAA GACCAATAGG 1320
 40 TGGCATTTTA GGTGATAAAT TTAATGCAGT TAAAGTATTG ATGATTGATT TTGTTGTTAT 1380
 GATTATCGGT GCCATTATTT TAGGTATTTT AGACCATATC GCATTATTCA CTGTAGGCTG 1440
 TTTAACAATA AGTATTTGTG CAGGTATTGG TAACGGCTTA ATCTTCAAAT TAGTACCATC 1500
 45 ATACTTCTTA AATGAAGCGG GATCCGCAAA TGGTATCGTA TCAATGATGG GTGGTTIAGG 1560
 AGGATTCTTC CCACCACTAG TAATCACGTA CGTAGCTAAT TTAACAGGAT CAAGTCATTT 1620
 AGCATTTATT TTCTTAGCGG TATTnGGAnG TATTGCATTA TTTACCATGC GTCATTTATA 1680
 50 CCAAAAAGAA TATGGCTCAT TGAAaAACGG TTGATATGTA ATACATGCCA TTcATTTAGT 1740
 TAAATACAAA GCCTTaATAT CATGCGCAAT ATTCGTAGCA TGACATTAAG GCTTTAGTAG 1800

55

CTTGGTTTGA TTTTAGGCAA GGTAATGGTT AATAACCCAT TTTCAAACT AGCAGTAATA 1920
 TGTGCTTAT CAACAGCTTC AAAATCAAAT TGACGCATTA ATGATTGAA GTTACGCTCA 1980
 5 TCTAAAATGA GTTGTTCAGA TTTGTATTTT GCGCTTCTAG TAGCTTGAAT AGTGAGCGWA 2040
 TTAttATTGA AATCgATACT AATAtCTccC TG 2072

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 231:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3159 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 231:

CGTCTTCTCT TGGTTATTCT CTGTGTTTTG TCTTTGTTCA AATTCGATTT TTTGTTGTTT 60
 GAATGAATGT AATACTTTAT TTTTTTTTGG CACATAATCC AAGTnATTTT TAGGAATTAA 120
 TATACGGTCT TTAATGCTT CTGTATTTT GCTCACAATC AATTGGTATA GTTGCTCTTC 180
 25 TTTTGATAAA CGCACTTCTA GTTTTGTGG ATGAACATTT ACGTCTACTA AGATTGGATC 240
 CATTTCAATA TTAATATAAC AAATCGGGAA CCTACCTATT GTTAAGAGTG TATGATAGCC 300
 TTCTAAAATC GCTTTATTTA GCATAAAGTT TTTAATGTAT CGTCCATTAA TAAAAATAGA 360
 30 AATATAGTGC TTATTACTTC TAGAATGTTT AGGCTTTGCA ACAAACCTT CAATGTGATA 420
 ATCACTTGTA TCTCCAGATA TATGTACTAA ATCTCGTGCA ACTTTCATCC CATAAATCTC 480
 TGCCATCACT TCATTAGTTC GTCCTGAACC ATTGTACTT AACATTGTTT TGCCATCTGA 540
 AATGAGTGCT ATTCGAATGT CCGGATGGCT CATTGCCATT CTGTTGACAA TATCTGTTAT 600
 TTTACCTAGT TCAGTGTATA AACTTTTAAAT ATATTTTAAA CGTGCTGGTG TATTATAAAA 660
 40 TAATGATTCT ACAAGTATAT CTGTTCTTTT TTTCGCTTTT GCAGGCTTAT GATTTAATAT 720
 TTCACCATT TCTACATATA TTTCATTTCC ATTAGCATTA TCCGTGCAAG TCTTCAATGT 780
 TACTTTAGCA ACTGATGAAA TACTGGCTAG TGCTTCACCA CGGAATCCTA ATGTCCTAAT 840
 45 ATGAAATAAA TCTTCATCTT GATCTAATTT ACTAGTCGCA TGTCTATGAA ATACTAATCC 900
 TAAGTCTTCC GCTTCAATTC CGCTTCCATT ATCGACTACG CGAATAGATT GGACGCCAGA 960
 50 TCTCTCTACT TCAATGCTTA TTTCTGTAGC GCCTGCATCT ATAGCATTTT CCAACAGTTC 1020
 TTTCAACA GAACCTCGGTC TTTCAACTAC TTCACCTGCT GCGATTTTAT TTGCTAATGA 1080
 GGTTTGGAGT TCTTTAATTT TCCCCATTTT GCAACACCTC TATTTTAATT GATTTTGTA 1140

	TTGTAGTTCA ATCTCGCTTT TTTGATCATT TTCAAACAAA TcAAATGATG CyTGTTCAAA	1260
	GTCTTTTTTGA GATAAAGTAT CaGTTGTTTC TTCaACACTT aAGTTTAAAT TTTCTTGATT	1320
5	AATTTCCAGG TTCATTTTCG ACCATTTTITA AATTTGATAT CGATGATtTT TCACCAGCAG	1380
	ACGCTTCAAA CTCGCTTAGA ATCACTTGTG CTCTGCTAAT AACTTTTTTCA GGTAAATCAG	1440
10	CTAATTTTCG AACTTGAATA CCATAAtATC GTCAACTGCA CCATCTTTGA CTTTATGCAA	1500
	GAATATAAGT TCACCTTTAT ATTCATTAGC AGCGACGTGA ACATTTTTTITA GACTTGGTAA	1560
	TGCTTGATCT AATGTTGTCA ATTCATGATA ATGTGTTGAA AATAACGTTT TAGCATGTGA	1620
15	TGTTTTAGCT ACATACTCTA TCATTGCCTG CGCTAAAGCT AAACCGTCAT ACGTTGAAGT	1680
	ACCACGTCCA ATTTATCGA AAATAATCAA ACTATCCTCT GTTGcATAAG TTAATGCCTT	1740
	TTGTGCTTCT AGCATTTCTA CCATAAACGT ACTCTTACCT GAAACCAAAT CATCTGCCGC	1800
20	ACCTATTCTA GTGAATATTT GATCAAATAT AGGTAACACT GCCTCTTTAC AAGGGACATA	1860
	AGCTCCCAT TGGGCCATTA TACTAATTAT GGCAACTTGT CTCATATATG TCGATTTACC	1920
	AGACATATTC GGACCTGTAA TTAAATATAT AAATGTTTCA TTATCTAATC GACAATTATT	1980
25	AGGCACATAG TCATTATAAT CCATTACTCT TTCCACTACT GGGTGCCTAG ATTCCACTAA	2040
	TTCTAATGTT TTATTTTCAC TAAATGAAGG CCTAGTGTA TATATTTTTT GAGCAATTTT	2100
30	TGCAAAGCTC TGTAACAAT CTAGCTCTGA AATAATTTTA GCTTGTGTGTT GTAAACGTTT	2160
	AGTATATTTT TTAACTTCTT CACGTAGCTG AACAAATAAT TGATATTCTA ATTCGATGGC	2220
	TTTGTCTTCC GCACCTAAAA TGATATCTTC TTTTCTTTA AGTTCATCAG TTATAAAACG	2280
35	TTCAGCATTC GATAACGTTT GCTTCCTCAT ATAACCAAAT TCACTTGGTT CAAAATTTTG	2340
	CAAGTTGGCA CGTGTATTTT CTATAAAATA ACCAAACACT TTATTAAAGC TTATTTTCAA	2400
	TGATTTTATT CCTGTACGTT GTCTTTCTTT GGCTTGTAAT TCTGCTAACC ATGTTTTTCC	2460
40	GTTTTTTGAA GCTTCAAGAT ATTCATCTAA TTGCGTATTA AAACCAACTT TGAATAGTCC	2520
	GCCATCTTTA ACTGAAATTG GTGGTTCTTC TACTAAACTC TGTCTAATA TATCAAGTAA	2580
	ATCATCaAGG GGTCTAGTT GATTAACTTG TACAAGAGTA TTCTGATTCA TAGAATTTAG	2640
45	TAATGCTTTA ATATTCGGTA TTTCAGAAAT GGAATGTTTA AGTTGAATTA AATCTCTCGC	2700
	ATTAACATTT CCGTAACTAA CACGCCCAAC AAGACGTTCA ATATCATACA CTTGATTAAAG	2760
50	ATAATGTTCTT AAGGTGTCTC TTTCTATGAA ATGAGCACTA AATTCATCAA CGATATCTAA	2820
	TCGTGCTTCA ATTTGTTCTT TACTTATTAG TGGTCTATCT ATCCATTGTT TTAAGCGGCG	2880
55	TGCTCCCAT GGTGTTTTCG TTTCGTCCAT TAGCCAAAGT AGCGTTCCTT TTTTGTATT	2940

ATCTATAGCT GCATATTGAA CAACATCCTC GATATGCGAT AAATCAGTT TTTGTGTATG 3060
 ATGAATATAA TCTAGCAATA ATTGTGTCGC TTGATACaTT AATTTATGTT CAGTTTGATT 3120
 5 CAACTATAG ATTtCTGATG ATAACGTTTC CCTGACTGT 3159

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 232:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1238 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 232:

TAAGCGAGAA GCAATTGGTG TTATGTATGC TAGTGATAAA CCAACAGGTG AAAGTACAAG 60
 20 GTCATTTGCT GTTTATTTCT CTCCTGAAAT TAAGAAATTT ATTGCAGATA ATTTAGATAA 120
 ATAAATCATC CATCCATACA TTGATAAATG ATTTTyAGAA ATTAACAACA AAATCAACAA 180
 TTTTAAACAT CTCTGTGATT CTATTTATTC GAAATGATTT AAAAAATAAA ACTTCAAAAA 240
 25 CCTAACCTTA TATTTATACG AATACTTAGA GGAGCACAAA AATGAATAAA AATATAATCA 300
 TCAAAAGTAT TGCAGCATTG ACGATTTTAA CATCAGTGAC TGGCGTCGGC ACAACAGTGG 360
 TTGAGGGTAT TCAACAAACG GCTAAAGCTG AACATAATGT GAACTAATC AAAAATACTA 420
 30 ATGTAGCACC ATACAATGGT GTCGTTTCGA TAGGATCTGG AACAGGTTTC ATTGTCGGTA 480
 AAAATACAAT TGTTACCAAC AAGCATGTCTG TTGCAGGTAT GGAAATTGGT GCACATATTA 540
 TAGCGCATCC CAATGGTGAA TATAATAATG GCGGATTTTA TAAAGTTAAA AAAATTGTCC 600
 35 GTTATTCAGG TCAAGAAGAT ATTGCCATTC TACATGTGGA AGATAAAGCT GTTCATCCAA 660
 AAAACAGGAA TTTTAAAGAT TACACAGGCA TTTTAAAAAT AGCATCAGAA GCTAAAGAAA 720
 40 ATGAACGCAT TTCAATTGTT GGCTATCCAG AACCATATAT AAATAAATTT CAAATGTATG 780
 AGTCAACAGG AAAAGTGCTG TCAGTTAAAG GCAACATGAT TATTACTGAT GCTTTCGTAG 840
 AACCAGGCAA CTCAGGTTCA GCTGTATTTA ACAGTAAATA CGAaGTtGTA GGTGTTCACT 900
 45 TTGGTGGAAG CGGCCCTGGA AATAAAAGTA CAAAAGGATA TGGTGTtTAT TTCTCTCCTG 960
 AAATTAAGAA ATTCAATTGCA GATAACACAG ATAAATAAAT CCTTACATAG ATAAATGATT 1020
 TTAAAAATTA ACAACAAACT CAACaATTCA AATCATCTCT GTGATTCCAT TTATTCGAAA 1080
 50 TGATTAAAAA AAATAAAACT TCAAAAAGCT AACATTATAA TTATACAAAT ACTTAGAGGA 1140
 GCAGAAAAAT GaATAAAAAT ATAATCATCA AAAGTATTGC AGCATTGGAC GATTTTAAAC 1200

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 233:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 6444 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 233:

	TGATAAGTCA TTTAAATTGT CACCTATTGA CATGACTTCT TTCATTTCAA TCCCTAATCT	60
15	TTCGGCAATT GTTCTAGCG CAATACCTTT TTGTGCATCT GAATGCGTTA TTTCTATATT	120
	TCCTCTCGAA GATGATGATA TAGCTAAATT CGGAGAKTCA GCTAAAATTT TACTAGCTTT	180
	GTCAATTTTT TCTAAATTTT CATCAAATGC TAATATTTTC ATAATTAATT CACCAGGTAT	240
20	GTTTTCATA GCATCATAAT TATCAACAAC TTTCAACGTA CCATTATCTA TGCCTCTTTG	300
	AATACCATTT TTAATACGCT CAACGTTTGC ATGTTGACCT GCACGCTCAG CAATATCTAT	360
	GTAAATGTCT AAATCTCTTT GTGGATCTTC AGTATAAATC GCACGACTCG TGTATACTTG	420
25	ATAATAAATA CCTGCATCTT TTAAACATT TGTAATTTTG TGTACTAACG ATTTATTAAG	480
	GTGTGAAGTG CTCATTACAT TGAAAGTTTC ATCACGTACT TCAGCACCAT TCAAACAAAT	540
30	ATATGGTACT GTTAAATCTG TGTCAGCAAC TGGTGCTTGK GCTTCATAAA ATGCTCGACC	600
	TGTCGCGATA ACAACCGTTA TCCCTTGTTT TTGAGCGTAT TTAATCGCAT CAATATTAGG	660
	TTGAGAAATT TCATGTGCTG CATTAAAGTAG CGTGCCATCC ATATCAGTGG CTATTAGTTT	720
35	TATCATTATG TnACCTCGTT TCGTAAATnT AAAATCTTGT TCTTAAATAA GrATATATAC	780
	TCAGCGCACA TACTTTtCTA TTAmCATTTA TATkGTCATT aATTTATCAT ATAATGTAAT	840
	TCTaACAAAT nTTAAcTAGT ATGTACTATC GTCTAATTGG TGGATTTCTT ATTGGCTCTT	900
40	AAgTTTTTAA AAAATGTTGT TAATAATGTG CTACATGCTT CTTTAAGTAC ACCTTTATCA	960
	ACAATTGCAC GATGATTAAA ATTAGATTGT TGCAATAAAT TCATTAAACT GCCACTACAA	1020
	CCACCTTTAG GATCATCTGC GCCATAGACG ACTCTTGGA TCGGACTCAT TACAATTGTT	1080
45	CCTGCGCACA TGACACATGG TTCTAAGGTT ACATATAATG TGCAACCTTC TAAACGCCAA	1140
	CTACCTAACA CTTTGGCTGC ACGTTCAATT GCAATATGTT CAGCATGCGC CGTTGGTTGT	1200
50	TGTAGTGTTC CTCTTaAATT ATGTGCTCTA GCGATAACTT CATCATCTTT AGTGATGATA	1260
	GCACCTATAG GtACTTCGCC TAGTTGAGCT GCTTTTTTAG CTCTTCAAT CGCTAATGTC	1320
55	ATAAAATATA TATCATTTGT CATTATGTC CAGATACCTC ACTTATGGTA CAATACTCAA	1380

	CTATTGGCGT AGGTAAATCT TCACTTGAC ACAAATTAAG TCAAACCTTA GATTTTTATG	1500
	AAGAAAAAGA AATCATCACA GAAATCCAT TTTTATCAGA CTTTTATGAA GATATCTCTA	1560
5	AATGGAGTTT TCAAACCTGAA ATGTTCTTTT TATGCAATAG ATATAAGCAA TTTCAAGATG	1620
	TAACACAACCT AAATCAAGGT GTAGTTAGTG ATTATCATAT ACATAAAAAAT AAGATATTTG	1680
	CTAAAAATAC TTTGAGTTCT GTTGAATTC AGAAATTCAG TAAATTTTAT GATATTTTAA	1740
10	CTGAAGATAT GATTATGCCG AATATGATTA TCTTTTTAGA TGCAGACCTT GATGTGTTAA	1800
	AATCTAGAAT TGCTAAACGT AACCGTAGTT TTGAGCATCA AATAGAAgTG AtActGTaAg	1860
15	TTAAAAAAG ATTATCGTGA GTATTATGAG TCCTTACAAA GTAATGGTTC AAATGTAGTT	1920
	TTAATCGATA CnACTTCTAT TGATTTTCTT AAAAATGAAC AAGATTACGA AGATATATTA	1980
	CATATTATAT TACCTATGAT AGGAGATATT ACCAATGAAT AATTACGTA TTCCACAAAA	2040
20	TGCCATTATA ACCATTGCAG GTACAGTTGG TGTTGGAAAA TCAACACTAA sGCAAGCACT	2100
	TGCAGATAAA TTAAACCTTA AAACGTCTTT TGAAAATGTC GAACATAATC CATATTTAGA	2160
	TAAATTTTAC AGCGATTTTG AACGATGGAG TTTCCATTG CAAATTTACT TCTTAGCTGA	2220
25	ACGTTTTAAA GAACAAAAGC GTATGTTTGA ATATGGTGGT GGCTTTGTCC AAGATCGATC	2280
	AATTTATGAA GATGTTGATA TTTTGC AAAA AATGCATGAA GAAGAAGGCA CAATGAGTAA	2340
	AGAAGATTC AAAACATATT CAGACTTATT TAATGCCATG GTCATGACAC CTTATTTTCC	2400
30	TAAACCTGAT GTAATGATTT ATTTAgAATG TAACTATGAT GAGGTCATTG ATCGTATTAT	2460
	TGAACGTGGT CGCGAAATGG AAATTAATAC AGACCTGAA TACTGGAAAA AGCTATTTAA	2520
35	ACGCTATGAC GATTGGATTA ATAGCTTTAA TGCATGTCCA GTTGTACGTA TCAATATTAA	2580
	TGAATATGAT ATCCATAAGG ACCCCGAATC TTTAAATCCT ATGATAAACA AAATTGCTCG	2640
	AATTATTCAA ACATATCGAC AAGTAGATAC ACGATAAAAG ACTAAAGACA TAGCGTATAT	2700
40	GTtTATATTC AATGTATATT CCATAGATAT TATCGATTAT TTTATCAATT CTATCGAATA	2760
	CATTAATTCA CATATACACT ATGTCTTTCT TTTTAATTA AAGCTTCTAA AATATCTGCC	2820
	GCACTATTTA AAATAATATC AGCTTCATGT AATCTTCTT TTGTTGCAAT ACCTGTTAAT	2880
45	ACACCTATTG CCATACCTAA ATTTGCATTA CTTGCTGTCT TCATATCATT AGCAGTGTCT	2940
	CCTACTATAG CTACTTTCTG AGGATCTACA TTATATTGCT CAAATAAAGG CGATAATACT	3000
	TTAGGATTTG GCTTCTCATA GGCATCCGCT TCGGTAGAAA TGATCAAATC GAACAACGAG	3060
50	GTAGCATTGG TATGTGCTAA AAATTGTTCT ACACCTTTTT TAGTATCACT CGTAACAATA	3120
	CCAAGTTGAT AGCCTTTTGC TTTCAAATCG ATAAGTGCTT CTTTAACACC TTCTACCCAA	3180

55

	GTATCTTGTC CCGTCACATC ATTAAATGCC TGGATAATTT GTTGTAAGA TCCTGAACCC	3300
	ATCACTGATT TTGGATCAAT AGATTCTTTA ATGACACCGA GTTGTCTTAA AGCAGCTTCT	3360
5	TTATTATGTA CTGGGAAAGT CTCAAGCAAT GATTGTACAA ATCGTACCCC TATTTTTTCC	3420
	CAACTTCTAT CAAATTCAAT TAACGTACCA TCTTTATCAA ATAATATCCA TTCCATTGaT	3480
10	ATCAATACTC CTATTTATTT ATTTCGTATT ATGCTGATTG TATGATATTC GTTATCCCCT	3540
	GAAAATGAAC TCGTAGTATT GTTCTATTTA AATATTGaAT TAAATATAAT AATAAGTGAA	3600
	ATCCCCTTCA ATACTTAACA ATAAACATTG TAAACTTAAT TTATTACCAT GCTTCGCTTC	3660
15	ATTGAAAGGG ATTTTAGTCA TGATTAACTT TTGCATATTG TTTTCATGAT TATATTCAAT	3720
	TTTTATTAAT ATTTTGGTAC AACGACTCTC CAACCATTTT TATCTTCTAA AGTACCATTT	3780
	TGAATACCAG TATAGACGTC GTATAATTTT TGAGTAATTT CACCAGTCTC ATTATTATTA	3840
20	ATAACGATTT CACGATCTTC GTATCTCAAT GTACCCACAG GTGAAATAAC TGCTGCAGTA	3900
	CCACTACCAA ATACTTCTGT TAACTCACCT TTATCATATG ATTCTGAATAA TTCATCGATT	3960
	GAAACGCGGC GCTCTTCGAC TTCATATCCT AAGTTTTTAG CTAATTCGAT AATAGATTTA	4020
25	CGTGTAAATAC CAGGTAAAAT ACTGCCATTG AACTCTGGTG TAATTACTTT GCCATTTTCA	4080
	ACGAAGAAAA TGTTTCATGCT ACCAACTTCT TCGATATATT TCTGTTCAAC ACCATCAAGC	4140
30	CATAATACTT GGTCAATAAC TAATTTATTT GCATTAGTTT GTGCTAATAA ACTTGcCGCA	4200
	TAGTTACCTG CAACTTTTGC AAAGCCTACA CCGCCACGaA CAGCACGCAC ATATTCACT	4260
	TCTACATAGA TTTTAGTTGG TTTTAAAGTT TCACCACCAT AATATGCACC TGAAGGAGAT	4320
35	AAAATAATTA ATAATTTATA CTGATGTGAT GCACCAACGC CAAGTGCCCC TTCTGTTGCA	4380
	AAAACAAATG GACGAATATA TAATGATTGA CCTTCCCCTT CAGGAATCCA ATCTCTTTCA	4440
	ATATCAACTA ATTGTTTTAG CCCCTCTAAC AATTCTGCTT CGTCTACTTG AGGCATTTCT	4500
40	AATCGTGCTA ACGAGTTATT AAGACGCTTA AAATTTTCTT CAGGACGGAA AAGTGCAACT	4560
	TCCCCATCTC TTTTATATGC TTTTAATCCT TCGAATACCG ATTGACCATA ATGAACACCT	4620
	TGTGCAGCAG GTGAAATTTT AATAGGACCA TAAGGTACTA TCTTCAAATC ATGCCATCCT	4680
45	TTATCTGCAT CATAATCATA ACTCAACATA TAATCAGTAA AATATTTACC AAAACCTAGT	4740
	TGAGATGTAT TTGGTTTTTG TTTAATGTT TCTCGTCGTT CAACTTTAAC TGCTGTGAC	4800
50	ATGGTGATTG CCTCCTAATA ATATTGTATA AGAATTGTT TAACTTAAAT TATAACAATC	4860
	CaTATTTTGC TGTTCAACAA ATTTTCTAAA AATTCAAAT TAATTAACAG ATTTCTAGAA	4920
55	AGACTATATC TTTTAGTATA AACGTATTAA TTTCACAGAG ACAAGTAATC TGTGTTTTAC	4980

TAAGTATAAT GAATAATATT AGAATTCATG CACTAGTTTA TTAAAATAAA GAGTAATTTA 5100
 AAATATCATT CCGTGTATTA AAGTGAATGG AAATGATTAG TTATTATTTT TAACAGTATC 5160
 5 TTTTGTGTTCA ATAGCTTCTA ACATTAATTT AGTCATGCTC GCTAAATCAT ATTTAGGATC 5220
 AAATCCCCAT TCGCCACGTG AACAGCTTGT ATCAATAGAA TCCGGCCAAC TATTAGCGAT 5280
 ACCTTGTCTA ATAGGATCAA CATCGTAATC TAATGTAAAA TTGGGATAGT ATTCTTGAAT 5340
 10 TGCTTCTTTT ACCATCTCTG GATCAAAACT CATTGCGCTC AAATTATAAC CATTTCTAGT 5400
 TTCTAATTTA GCGTCTCTG CTTCCATAAG TTTAATAATT GCTTCAATTG CATCATCCAT 5460
 ATACATCATA TCCATATACG TGCCTTTATC TATGAAGCTT GTATAATGAC CCTCTCTTAC 5520
 15 TGCTTTGAAG TATATTTCAA CAGCATAGTC TGTAGTACCG CCACCTGGCT CTTTAACATG 5580
 CGAGATTAAA CCTGGGAATC TAACACTTCT TGTATCTACA CCAAACGTT TGAAATAGTA 5640
 20 TTGACACAAT AATTCTCCAG CTACTTTATT TACACCATAC ATTGTCGTAG GTTGCTGAAT 5700
 CGTTACTTGT GGCCTATTAA CTTTAGGAGT TGAGTCTCCA AATGCACCAA TTGAACTTGG 5760
 TGTGAAAAAG TGCAAATTAT AAGTTCTTGC AGCTTCTAAT GCATTCATTA ATCCACCCAT 5820
 25 ATTTAAATCC CAAGCTAGAA TTGGATTTT CTCAGCAGTT GCTGATAATA ATGCTGCCAT 5880
 ATGCATTAGA CTATCCGCTT CAAAGTCCCT AACTAACTCA AACATACGGT CACGATCTGT 5940
 TACGTCTAAG ATTTCAAATG GTCCATTTG TACAGGTGAG TCTGCTTCAG GTTCCCTAAT 6000
 30 ATCTGTAGCA AGAACATTAT CTGTCCCATA AATTTCTCTG CACTTAACAA CTAATTCTGT 6060
 ACCAATTTGT CCTAATGCAC CAGTAATCAT AATTTTTTTC ATAGAAATAT CTCCTTTGtC 6120
 TCTTCTATAT AGCTATAGTC CATCACAAGC GGaCATAATA TTCATTTTCA TAATAATTAT 6180
 35 AATATAAAAG CGCTTTCTTG TATATATGAC ATGTACATGT TGCTGATATk TCTGTAAATG 6240
 GAAATTCTAG TTGTATTAAT TGATTTTAGT AATTTATAGC GTTTATTATT GCTAATTACT 6300
 40 GtCAAATTAA ATTTTTTATC CCTCAACTCT TAAACTCTGG ATATCTTTCA TTATATTAGC 6360
 TTTTTTATAA CCATGGATAT CATGTAAAGC CTTATAAGCn TTAAATAATG TTTCATACCT 6420
 TTGTACTTnT TCCGCTTCTG GATT 6444

45 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 234:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4721 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 50 (D) TOPOLOGY: linear

55

	GCCCATGAGA CAATTTTACT TGCTTTTCCC ATTGGTTATC ACGTTCTTAT TACATAGATT	60
	TAAACCGAGA AATATTATTC AAACGCTATT TATTGTATCG TTGATTCTT TAGGACTTAT	120
5	GATAGTGATT CATTTTCATCA CTGGAGATAA TTCACGTGTG TATTTTGGGA CAGATACACG	180
	ACTGCAAAC TTTATTGCTTG GTTGATATATT AGCATTATTT TGGCCTCCGT TTGCTTTGAA	240
	AAAAGATATT TCTAAAAAGA TTGTCGTATC ATTAGATATT ATAGGGATAT CTGGTTTTGC	300
10	GGTTCTAATG ACTTTGTTCT TTATAGTTGG AGACCAAGAT CAATGGATCT ATAATGGAGG	360
	ATTTTACATT ATATCATTG CAACTTTATT CATTATTGCA ATTGCGGTAC ATCCTTCTAG	420
	TTTATTGCT AAATTTTAA GTATGAAACC TTTACTAATT ATAGGTAAAC GATCATATAG	480
15	CTTATACTTA TGGCATTATC CTATCATTGT TTTTGTGAAC AGTTATTACG TACAAGGACA	540
	AATACCGTA TACGTTTATA TTATAGAAAT TTTGTTAACA GCGTTAATGG CTGAAATTTT	600
20	GTATCGCTTT ATTGAAACAC CTATACGTAA AAAAGGATTT AAAGCTTTTG CATTTTACC	660
	TAAAAAGAAG GGGCAATTG CTAGAACAGT GTTAGTTATC CTATTATTGG TTCCGTCTAT	720
	CGTTGTGCTC AGTGGACAGT TTGATGCACT TGGCAAACAA CATGAAGCCG AGAAGAAAGA	780
25	GAAGAAGACG GAATTTAAAA CAACGAAGAA AAAAGTCGTT AAAAAAGATA AGCAAGAGGA	840
	TAAGCAGACA GCGAATAGCA AAGAGGATAT TAAAAAGTCA TCACCACTAT TAATTGGTGA	900
	CTCGGTCATG GTGGATATTG GTAATGTCTT TACTAAGAAA ATACCAAATG CACAAATTGA	960
30	TGGTAAAGTT GGACGGCAAC TCGTTGATGC TACACCAATT GTGAAATCGC AATATAAGA	1020
	CTATGCTAAA AAAGGTCAAA AAGTTGTAGT AGAGCTGGT ACAAATGGGG CATTTACGAA	1080
	AGATCAATTA AATGAACTAT TGGATAGTTT TGGAAAAGCA GACATATATT TAGTTTCTAT	1140
35	TAGAGTACCT AGAGATTATG AAGGTAGAAT AAATAAATTA ATTTATGAGG CAGCTGAAAA	1200
	GCGCTcTAAT GTACATCTAG TCGATTGGTA TAAAGCTTCT GCAGGTCATC CGGAATACTT	1260
40	TGCATATGAC GGTATTCACT TAGAATATGC AGGTAGTAAA GCGCTGACTG ATTTGATTGT	1320
	AAAAACGATG GAAACACATG CTACAAATAA GAAATAATTT GATGCACTAA ACTTTTGAAA	1380
	TATTACATTA CTTCTGATAT TTATTATCAA AAATGATGTA TTTCATTAAA AGTTTAGTGC	1440
45	TTTTTTATTT TCAAATCCCA TAGTAACGGT GCAGAAAAAG TGTGTAAAC ATTCTAATTG	1500
	GTATATTACA TTCAATGAAG CTTTATTAGG AACAGATTAC ATTATGATAA CAAAGCCCGC	1560
	AAGACACCTA ATCTCTGTTA TAGTTTGT TTGTCGAAAA CTATAAAAGT TATAATTGTT	1620
50	TGCATACTAA AAAAATAAAA AATATAAAAT TTAATAAAT TGAGTCGCTA ATGACTATAT	1680
	GTATAGAGTG TTTTGATTAT TGGGAGGATA TTTAATTATG AAAAAATCG TTACAGCTAC	1740
55		

	ACAAAATAAC AATGGATATA ATTCTAATGA CGCTCAATCA TACAGCTATA CGTATACAAT	1860
	TGATGCACAA GGTAATTATC ATTACACTTG GACAGGAAAT TGGAAATCCAA GTCAATTAAAC	1920
5	GCAAAACAAC ACATACTACT ACAACAATA CAATACTTAT AGTTATAACA ATGCATCTTA	1980
	CAATACTAC TATAATCATT CATATCAATA CAATAACTAT ACAAACAATA GTCAAACAGC	2040
	AACAAATAAC TATTATACTG GTGGTTCAGG TGCAAGTTAT AGCACAACAA GTAATAATGT	2100
10	TCATGTGACT ACAACTGCAG CGCCATCTTC AAATGGTCGT TCAATTTCTA ATGGTTATGC	2160
	ATCAGGAAGT AACTTATATA CTTCAGGACA ATGTACTTAT TATGTATTTG ATCGTGTGG	2220
	TGGGAAATT GGTTCACAT GGGGTAACGC AAGTAATTGG GCTAACGCAG CTGCATCATC	2280
15	TGGCTATACA GTGAACAATA CACCAAAAGT TGGTGCTATC ATGCAAACAA CACAAGGCTA	2340
	TTACGGTCAT GTTGCTTACG TTGAAGGCGT TAACAGCAAC GGTTCTGTTT GTGTTTCAGA	2400
20	AATGAACTAT GGACATGGTG CTGGTGTGGT TACGTCTCGT ACAATTCAG CAAACCAAGC	2460
	AGGTTTCATAT AATTTTCATC ATTAATCAAA TGTAAATCAA ATGACGTCAA TATTCTCTAA	2520
	CATGAGAGTA TTGGCGTTTT TGTTTTATAT AAATATAAAT GAGAGCGGTT TATTCACTGA	2580
25	TCTTTAGGGA ACTAAGTAAT AAAGTGATAA TTTATACTAT GTCAGTATGA TTGAGAGTGA	2640
	TTCAATTTAG ATGAAAACCA TGAAAAATA TATTAAAACA GCATTTTTTT GTAGTATGTA	2700
	TTGGTTAATT GTTCAACTAA ATATAGCAAA TTTAGGTACA AGAATTCCTG ATAAGTATTT	2760
30	TCGTCAGAAG TACATAATAT TTAAATCATT TAACTTTGAG AAGCATGGAA AATTTTGGAA	2820
	CAAATGGTTT TACGTAAGAA AATGGAAACA TAAGATTTTA GATGGTCATC AGCTTAATCA	2880
	AAATATATAT GATCAGCGTC ATTTAATGAC AATCAATACT GATGAAATTG AAAAAATGAT	2940
35	TATAGAGACA AAGAGGGCAG AGTTGATTCA TTGGATATCG ATACTTCCAG TCATCATATT	3000
	CAATAAAGGC CCTCGTTTAG TAAAGTATAT AAATATTTTC TATGCAATGA TAGCTAATGT	3060
40	TCCAATCATT ATTGTGCAAC GCTATAATCG ACCGAGATTA ACGCAGTTAC TACGCATATT	3120
	AAAACGAAGA GGTGAACGTC ATGACTAAAC ATATCATCGT TATTGGTGGT GGCTTAGGTG	3180
	GGATTTCTGC AGCAATTCGA ATGGCACAAA GTGGCTATTG GGTCTCATT TATGAACAAA	3240
45	ATAATCATAT AGGAGGCCAA GTGAATCGTC ATGAATCAGA TGGCTTTGGC TTTGATTAG	3300
	GTCCATCTAT TTTAACGATG CCTTATATTT TTGAAAAATT ATTCGAATAT AGCAAGAAGC	3360
	AAATGTCAGA CTACGTTACA ATCAAGCGAT TGCCACATCA ATGGCGTAgC TTTTTCAG	3420
50	ATGGAACGAC TATCGATTTG TATGAAGGTA TTAAAGAAAC AGGTCAGCAT AATGCGATAT	3480
	TGTCGAAACA GGATATAGAG GAACTGCAAA ATTATTTGAA TTATACAAGA CGAATCGATC	3540

55

	TTCATGGGCC ATTAAATGCT CTTATTAATT ATGATTATGT ACATACTATG CAACAGGCCA	3660
	TAGACAAGCG TATCTCGAAT CCATACTTGC GACAAATGTT AGGCTATTTT ATCAAATATG	3720
5	TAGGTTCTTC ATCATACGAT GCGCCAgCTG TATTATCTAT GTTATTCCAT ATGCAACAAG	3780
	AGCAAGGCCT TTGGTATGTA GAAGGTGGAA TCCATCATTT AGCCAATGCC TTGGAAAAGc	3840
	cAGCGCGTGA AGAAGGTGTC ACAATTCATA CAGGTGCACG TGTGGACAAT ATTAAAAACAT	3900
10	ATCAAAGACG TGTGACGGGT GTCAGATTAG ATACAGGTGA GTTTGTAAAG GCAGATTATA	3960
	TTATTTCAAA TATGGAAGTC ATACCTACTT ATAAATATTT AATTCACCTT GATACTCAAC	4020
	GATTAAACAA ATTAGAGAGG GAATTTGAGC CGGCAAGCTC AGGATATGTG ATGCATTTAG	4080
15	GTGTTGCTTG CCAATACCCG CAATTAGCAC ATCATAATTT CTTTTTTACG GAAAATGCTT	4140
	ATCICAATTA TcAACAAGTT TTTcATGAAA AGGTATTGCC AGATGATCCG ACCATTTATC	4200
20	TAGTAAATAC GAATAAAACT GATCACACAC AAGCGCCAGT AGGTTATGAA AATATCAAAG	4260
	TCTTACCACA TATTCCATAT ATTCAAGATC AGCCTTTTAC CACTGAAGAT TATGCGAAGT	4320
	TTAGGGATAA AATTTTGGAT AAATTAGAAA AAATGGGACT TACTGATTTA AGAAAACACA	4380
25	TTATTTATGA AGATGTTTGG ACACCGGAGg ATATTGAAAA AAATTATCGT TCTAATCGTG	4440
	GTGCAATATA TGGTGTGTA GCAGATAAAA AGAAAAACAA AGGATTTAAA TTTcCTAAAG	4500

AAAGTCAGTA TTTTGAAAAC TTGTACTTTG TAGGTGGATC AGTAAATCCT GGTGGTGGCA	4560
IGCCAATGGT TACATTAAGT GGGCAACAAG TCGCAGcAAG ATAAACGCGC GAGAAGCGAA	4620
AAATAGGAAG TGATATCTAT GAAATGGTTA TCACGAATAT TAACAGTAAT AGTGACCATG	4680
ICTATGGCGT GTGGTGcATT GATATTTaAT CgTAGACATC A	4721

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 235:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 3516 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 235:

EATTCGTGCG CAATGGGCTA AATTAGGTCT AGGTTTAGAT TATAGTAGAG AACGTTTAC	60
TTTAGATGAA GGTTTAAGTA AAGCAGTTAA AAAAGTTTTT GTTGATTAT ACAATAAAGG	120
AATTATTTAT CGTGCGAAC GTATTATAAA TtGGGATCCn AAAGCACGTA CAGCTTTATC	180
IGaTATTGAA GTAATAcATG AAGATGTTCA AGGTGCGTTT TATCATTTTA AATATCCTTA	240

	TACAGCGATT GTTGTTAACC CTAATGACGA ACGATACAAA GATGTAATCG GTAAACTGT	360
	TATATTACCA ATCGTAGGAC GCGAACTGCC TATTTTAGCA GATGAGTATG TTGATATAGA	420
5	CTTCGGTTCT GGTGCTATGA AAGTGACACC AGCACATGAC CCTAATGATT TTGAAATTGG	480
	TCAAAGACAT CAATTAGAAA ATATTATCGT TATGGATGAA AATGGTAAAA TGAACGACAA	540
	AGCGGGTAAA TATGAAGGTA TGGACCGTTT TGATTGTCGT AAACAGCTAG TTAAAGATTT	600
10	AAAAGAACAA GATTTAGTTA TCAAGATTGA AGATCATGTT CATTCTGTAG GTCATTCAGA	660
	ACGATCTGGC GCTGTTGTTG AACCATATTT ATCAACACAA TGGTTTGTGC GCATGGAAGA	720
	CTTAGCGAAA CGTTCATTAG ATAACCAAAA AACAGATGAT CGTATTGATT TTTATCCGCA	780
15	ACGTTTCGAA CATAcATTa ACCAATGGAT GGAAAATATT AGAGATTGGA CGATTTCaAG	840
	ACAATTATGG TGGGGTCATC AAATTCCGGC TTGGTATCAT AAAGAAACAG GCGAAATATA	900
20	TGTTGGAGAA GAAGCGCCAA CTGATATTGA AAATTGGCAA CAAGATGAAG ATGTATTAGA	960
	TACGTGGTTC TCaAGTGCTT TATGGCctTT CTCyACGTTA GGTTGGCCTG ATTTAGAAAG	1020
	TGAAGACTTT AAACGATACT ACCCAACAAA TGCCTTAGTT ACAGGTTACG ATATTATCTT	1080
25	TTTCTGGGTA GCACGCATGA TATTCCAAGG CTTAGAATTT ACAGATCGTC GTCCATTtAA	1140
	TGATGTATTA TTACACGGTT TAGTTCGTGC TGAAGACGGG CGTAAGATGA GTAAATCATT	1200
	AGGTAATGGT GTGGATCCAA TGGATGTTAT TGACGAATAC GGTGCTGATA GCTTGCGTTA	1260
30	CTTCTTAGCA ACAGGTTcAT CTCCAGGACA TGATTtAAGA TACTCAACTG AAAAAAGTTGA	1320
	GTCAGTGTGG AACTTTATCA ATAAAACTG GAATGGGGCA CGTTTCAGTT TAATGAATAT	1380
	CGGTGAAGAC TTtAAAGTTG AAGATATCGA TTtAAGTGGT AACTTATCAT TAGCAGATAA	1440
35	ATGGATTCTA ACACGTTTAA ATGAAACGAT TGCAACAGTT ACTGATTtAA GTGACAAATA	1500
	TGAATTCGGC GAAGTTGGAC GTGCATTATA TAATTTcATT TGGGATGATT TCTGTGATTG	1560
40	GTACATTGAA ATGAGTAAAA TTCCAATGAA TAGTAATGAT GAAGAACAAA AACAAGTTAC	1620
	ACGTTcAGTA TTGAGTTATA CTTTAGACAA TATTATGAGA ATGCTACATC CATTcATGCC	1680
	ATTTGTAAcA GAGAAAATAT GGCAAAGTTT ACCCATGAA GGTGACACAA TTGTTAAAGC	1740
45	TTcATGGCCA GAAGTGCGTG AATcATTGAT TTTTGAAGAA AGTAAACAAA CAATGCAACA	1800
	ACTTGTTGAA ATcATTAAAT CTGTAAGACA ATcACGTGTA GAAGTAAATA CGCCATTGTC	1860
	TAAAGAAATA CcTATTTTAA TTCAAGCTAA AGATAAAGAA ATTGAAACAA CTTTATCACA	1920
50	AAACAAAGAT TATTtAATCA AATTCTGTAA TCCTAGTACC TTAAATATTA gCtGACGTGG	1980
	AAAwTCCTGA GAAAGCAATG ACaTCAGTTG TAATTGCAGG TAAAGTGGTA TTACCATTAG	2040

55

AAAGCGAATT AGATAGAGTA GATAAAAAGC TCTCTAATGA AAACTTTGTA AGTAAAGCAC 2160
 CTGAAAAGGT TATAAATGAA GAAAAACGTA AAAACAAGA TTATCAAGAA AAATATGATG 2220
 5 GTGTGAAGGC AAGAATTGAA CAATTAAAAG CATAGGAGTT AGTAACAATG AATTACCTAG 2280
 AGAGCTTGTA TTGGATACAC GAAAGAACTA AATTTGGCAT CAAACCAGGT GTTAAACGTA 2340
 TGGAAATGGAT GCTAGCACAA TTTAATAATC CTCAAAATAA CATTAAAGGT ATTCATGTAG 2400
 10 GTGGCACAAA TGGTAAAGGC TCTACAGTTG CTTACCTTAG AACAGCTTTA GTTGAAAATG 2460
 GTTATGAAGT AGGTACATT ACGTCGCCGT TTATTGAAAC ATTTAATGAA CGAATTAGTC 2520
 TAAATGGTGT GCCAATATCA AATGACGCTA TTGTAGAATT AGTATCACGT ATTAAACCAG 2580
 15 TAAGTGAAAT GATGGAACGT GAAACAGATT TAGGTGTTGC AACTGAATTC GAAATAATCA 2640
 CAGCGATGAT GTTTTTATAT TTTGGTGAAA TACATCCTGT TGATTTTGTC ATTGTTGAGG 2700
 CTGGATTGGG TATAAAGAAC GATTGACAAA ATGTCCTTAC ACCGGTTTTA TCAATCTTAA 2760
 CTAGTATCGG TCTAGACCAT ACAGATATT TAGGTGCTAC TTATCTAGAT ATTGCTAGGG 2820
 ATAAAGGCGC GATTATAAAG CCTAACGTT CAGTGATATA TGCTGTTAAA AATGAAGATG 2880
 25 CATTAAATA TGTTCTGTA CGCGCAATTG AACACATGC AAAGCCAATT GAATTAGATA 2940
 GAGAAATTGT TGTTGTATCG CAAAATGATG AATTTACTTA CCGTTATAAA GATTATGAAT 3000
 TAGAAACAAT CATTTTAAGC ATGTTAGGTG AACATCAGAA ACAAATGCT GCATTAGCCA 3060
 30 TAACAGCTCT TATTGAATTA AATGAACAAG GATTAATTGA ATTAGATTTC AATAAGATGA 3120
 TAGACGGTAT TGAATCAGTT CGTTGGACTG GACGTATTGA GCAGGTGCAT GACAAACCTT 3180
 TAATCATTTT GGATGGCGCA CATAATTCAG AGAGTATAGA TGCTCTAATT GATACAATTA 3240
 35 AACAGTACCA TGATAAAGAA AAAGTAGATA TTTTGTCTC AGCAATAAAC GGAAAACCGA 3300
 TTAACGAGAT GGTCAAACAT TTAAGTTTAA TTGCGCATAC GTTTTATGCA ACTGAATTG 3360
 ATTTTCCGAA AGCGTTACGC AAAGAAGAAA TTGTAGGTAG TATTGAAAAT GATGAAATAC 3420
 40 AATTAGTAGA TGAATCAGTT GAATTTATAA AAAATTATCA AGGTGATACA TTAGTAATTA 3480
 CCGGTAGTCT GTATTTTATA AGTGAAGTTA AATCAA 3516

45 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 236:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 7481 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

55

	TGAGTGATAG AATCAAAAAA GCCATCTCAA AAATTAATCA AGCAAACAAC ATTCCAAACA	60
	ATGsTCGCAA ATCACCAATG TATCACTCTC CAATTACGTA ACTATGATTT AATTTAAGCA	120
5	TAGTTATTGA GGTTTTGTGA TATATAGTAT AAAATTAATG AGAATTAAAT TTAATAATGT	180
	AAAATTCATm TTCgGGGTCG GGTGTAATTC CCAACCGGCA GTAAATAAAG CCTGCGACCT	240
10	GCTAGTATGT ATCATATTAG TGGCTGATCT AGTGAGATTC TAGAGCCGAC AGTATAGTCT	300
	GGATGGGAGA AGATGGAGGT TTTTGTGTGT GCAATAATCC TCCTATTCTT ACGAGATGAA	360
	TGGAAGGAGA AAATTGAATA TGCAACAAAA TAAACGTCTT ATCACAATAA GTATGTTGAG	420
15	CGCGATTGCG TTTGTGTAA CTTTTATCAA GTTTCCTATA CCATTTTTCG CACCATACTT	480
	AACTTTAGAT TTTAGTGATG TACCGTCACT ACTAGCTACA TTTACGTTTG GACCAGTTGC	540
	CGGTATCGTA GTTGCACTGG TTAAAAATTT ATTGAACCTAC TTATTTAGTA TGGGCGATCC	600
20	AGTTGGACCA TTTGCTAACT TTTTAGCAGG CGCAAGTTTC TTATTAACCTG CTTACGCCAT	660
	CTATAAAAT AAACGTTCAA CAAATCTTT GATTACTGGA TTAATCATTG CAACAATCGT	720
	TATGACTATC GTGTTGAGTA TTTTGAACATA TTTGTTCTA TTACCTTTGT ACGGTATGAT	780
25	ATTTAACTTA GCTGATATCG CAAATAATCT TAAAGTAATC ATTGTTTCAG GAATTATACC	840
	ATTCAATATT ATTAAAGGTA TCGTTATTTT TATTGTATTT ATTTTACTAT ATAGAAGGCT	900
30	TGCGAATTTT TTGAAAAGAA TTTAATCAAA TTAAAGCAAA ATAATATACA CATAATAATA	960
	AAAAGCAGGT GACTATCAAT AAACGATAGC TTGCCTGCTT TTTCTATAGA ACATTTGTCT	1020
	AAAAAATCAA TTATTCaAAT TTAAAGCGT CCCCATCAAA TGATTCGTCT GCAATTTTAA	1080
35	TAGAATCTGt AGGGCATCCa TCAATTGCAT CTTCCATATC TTCATATAAT TCCTcAGGTA	1140
	CTTCTGCAGT ACCTTGGTTA TCGTCAAGGA TTACGAAAGC AATACCTTCG TCGTCGTAAT	1200
	CATATATATC TGGCGCTGCT GCACCGcATG CACCACATGC AATACAAGTA TCCATATCAA	1260
40	CGATTGTATA TTTTGCCAAT GTCTTCGCCT CCTTTGATAA AAATGCTAAA ATAGTAATGT	1320
	GACTAAAATT TTAGACAGCA TCATTTTTAT TTTCAAATTA TCGTTTTTAC AGAGTGAGGG	1380
	TTAAATTTGC AACACATTAT AAAACAGCA TTACAACAAA CATTTAACTA TAAAACAAAT	1440
45	AAAAGTATTT ACAATATCTT AGTTGGTAAG AAATCTCACC AAACCTTTTT TGACGCTTGT	1500
	AGTCAACAAC AGTTGTCATT ATATCACAGT TTACCACTAT TAAATATATCC GTCTTTTGAG	1560
50	CTATTTtTAG AAAAAATCAA TGAATTTAAT GCTGAAATGG AAATCATGTT GCATCCTAGA	1620
	TATACATTTG aAAGCATGGG GCAAACATTT CAAGCAATTC AACTATTAGT GCAAaCCATG	1680
55	TCTAATACCA AACAACATGT TTTTCATTTT GTACCAATCT CTCAAATAA TAAGATACAm	1740

	AATGAACTAC ATAACCTGTT TAAAGCAATA ACTTTAAAAG GGCCATGTTA CTTACATTAT	1860
	TATTTGCAAG GCTATGATGA ACCAATGTAT ACGAGACAGC AAGTTAGTTT AATAGAAAAG	1920
5	CTATCTCAAC AGCAATTGTT TGAATACGAA ATGAATAATT TAGTGACAAT GATGTTTGAA	1980
	TTAGAAAGTG GAGAATATAC TATTTTATCA AAAATAATAA TGAAACCTAC ATTATTAAAT	2040
	CAAACCTATA TTAACCTATAC AAAATTGCTT GAACAATTCA CGATGGAAGA TATAGCGGCT	2100
10	CAACAACAAG TTAATCAAA TACTATCGAA GATCATGTAC TTGAAATCTT AATCAAAGGT	2160
	TACATGTCTA ATTACGATGA TTATGTTGAA CTAGAAGATC AACTCCAGTT TTTGAATTTT	2220
15	TATCAACAGC ATCGTGGCGA ACGATTAAAA TTTTACAAAG AACAAATTGA CACGTTATCA	2280
	TATTTTCAAT TAAAAGTATT AATCGTTGGA TTTGAAAGAG GTGATCTGAA TGTTCATGA	2340
	TATTTTACGA AACAAATTTG GATTTCGAGAG TTTTAAACCG GGACAACAGG AAATTATAGA	2400
20	AAGTATAATG TCTCAACAAC ACACTCTAGG TATACTTCCA ACTGGAAGTG GAAAGAGTTT	2460
	GTGTTATCAA ATACCTACGT ATTTATCAGG TAAGCCGACA TTAATTATCT CACCGTTAAT	2520
	ATCTTTAATG GATGACCAAG TTATGCAGTT GAAAAATAAT GGAGAAAAAC GTGTAACATG	2580
25	TATTCACCTCT GGTATGGATG AAATTGAGAA AAAGCATAAT ATTAAATGTT TACGACATAG	2640
	CCGCTTCATC TTTCTAAGTC CAGAATTTCT CCTGCAACCG TCAAATTTTA AATTAATATC	2700
	TATGATAGAC TTTGGCATGA TTGTTCTAGA TGAAGCACAT TGCCTATCTG AATGGGGATA	2760
30	TGATTTTCTA CCACATTATG CTCTAATAGG AAAAGTAACA AAGCATTTTA AAGAAGCGGT	2820
	TGTCTTAGCA TTGACAGCAA CTGCACCACC GCATTTACAA GATGATTTGA CGGAAATGTT	2880
35	AGCGATTCAA TTCAATGTTA TTAATACTAC AATGAATCGC CCAAATATAA GCTTTAAGCA	2940
	TCTTAATTTT CATGATGATG AAGATAAAAT TGAATGGTTG CTGCCGTTTC TACAACAGTC	3000
	GGGAGCAACG ATTATTTATG TCTCATCGAA AAAGATGTGT CTGAATTTAG CGCAACTTAT	3060
40	TTATGATTCA GGTTTTCTTA CAGGTATTTA TCATGGTGAT ATGAATTATC AAGAGCGACA	3120
	CACAGTTCAA CAACAATTTT TAAATAATGA TATTCGATT ATAGTCGCAA CGAGTGCTTT	3180
	TGGTATGGGA ATTAATAAAA AAGATATTCG CACAATCATT CACTTTCATC TTTCAACAAG	3240
45	TCCTTCTAAC TACATTCAAG AAATTGGCCG TGCGGGTCGC GATGGTGAAC TAAGTCAGGC	3300
	AATTAGTTTA TTCCAACCGG ACGATAAATA TATTTTAGAA ACGTTATTAT TTGCAGATAT	3360
	GATAACAGAA GAAGATGTAC AAAATTTCTGA AATAGGAGAA TTTTAGCTC CCGATAAACA	3420
50	AGCCGTTTTG ACAACGTTGc AATCATTCTA TAGTATCGGC GCCTTGAAAC AGATATTTAA	3480
	GCAATCATTT AAACGAAAGC AATTAGGATT CTTTCGCATG ATTGGCTATT GCAAATTGGA	3540

55

	ATGTTGTGAC AATGATTCTA ATATAACTGA TATCGCAATT TTAAATAAGA AGAAGGTAAT	3660
	TAGAAGTATT GGATTTGATG AAAAGTTGCA AAATTTATTT CTCAGATAGT ATTACTTTAC	3720
5	TAAAAGAAAA TTGACAAGCT ATAATTAGTG TATACACAAT TGAAAAATGA TTGAAATAAT	3780
	TTTGAAAAAT ATACATAAAC ATATGTCATG TGGGTATATT TTATGTAAAA TCATTGTAAT	3840
10	AGAATAGAAA GGAAGATGGC TATGTCTAAT AATTTTAAAG ATGACTTTGA AAAAAATCGT	3900
	CAATCGATAG ACACAAATTC ACATCAAGAC CATACGGAAG ATGTTGAAAA AGACCAATCA	3960
	GAATTAGAAC ATCAGGATAC AATAGAGAAT ACGGAGCAAC AGTTTCCGCC AAGAAATGCC	4020
15	CAAAGAAGAA AAAGACGCCG TGATTTAGCA ACGAATCATA ATAAACAAGT TCACAATGAA	4080
	TCACAAACAT CTGAAGACAA TGTTCAAAAT GAGGCTGGCA CAATAGATGA TCGTCAAGTC	4140
	GAATCATCAC ACAGTACTGA AaGTCAAGAA CCTAGCCATC AAGACAGTAC ACCTCAACAT	4200
20	GAAGAGGAAT ATTATAATAA GAATGCTTTT GCAATGGATA AATCACATCC AGAACCAATC	4260
	GAAGACAATG ATAAACACGA TACTATTAAA AATGCAGAAA ATAACACTGA GCATTCAACA	4320
	GTTTCTGATA AGAGTGAAGC TGAACAATCT CAGCAACCTA AACCATATTT TACAACAGGT	4380
25	GCTAACCAAT CAGAAACATC AAAAAATGAA CATGATAATG ATTCTGTAAA ACAAGATCAA	4440
	GATGAACCTA AAGAACATCA TAATGGTAAA AAAGCAGCAG CTATTGGTGC TGGAACAGCA	4500
	GGTGTGTCAG GTGCAGCTGG TGCAATGGCT GCTTCTAAAG CTAAGAAACA TTCAAATGAC	4560
30	GCTCAAAACA AAAGTAATTC TGGCAAGGCG AATAACTCGA CTGAGGATAA AGCGTCTCAA	4620
	GATAAGTCTA AAGATCATCA TAATGGCAAA AAAGGTGCAG CGATCGGTGC TGGAACAGCA	4680
35	GGTTTGGCTG GAGGCGCagC AAGTAAAAGT GCTTCTGCCG CTTCAAAACC ACATGCCTCT	4740
	AATAATGCAA GCCAAAACCA TGATGAACAT GACAATCATG ACAGAGATAA AGAACGTAAA	4800
	AAAGGTGGCA TGGCCAAAGT ATTGTTACCA TTAATTGCAG CTGTACTAAT TATCGGTGCA	4860
40	TTAGCGATAT TTGGAGGCAT GGCATTAAAC AATCATAATA ATGGTACAAA AGAAAATAAA	4920
	ATCGCGAATA CAAATAAAAA TAATGCTGAT GAAAGTAAAG ACAAAGACAC ATCTAAAGAC	4980
	GCTTCTAAAG ATAAATCAAA ATCTACAGAC AGTGATAAAT CAAAAGAGGA TCAAGACAAA	5040
45	GCGACTAAAG ATGAATCTGA TAATGATCAA AACACGCTA ATCAAGCGAA CAATCAAGCA	5100
	CAAAATAATC AAAATCAACA ACAAGCTAAT CAAAATCAAC AACAGCAACA ACAACGTCAA	5160
	GGTGGTGGCC AAAGACATAC AGTGAATGGT CAAGAAAACT TATACCGTAT CGCAATTCAA	5220
50	TACTACGGTT CAGGTTCAAC GGAAATGTT GAAAAATTA GACGTGCCAA TGGTTTAAGT	5280
	GGTAACAATA TTAGAAACGG TCAACAAATC GTTATTCCAT AATATAACTA TATAAATTGT	5340
55		

	TAAATTGCGC TTATAAGTAT GTAGCGGTTT TTTCATTTTT CAAAGTTTGT TATTTAACAA	5460
	GGTCTTGCT CGAATATTGG CATATCAATT TAACTTTTTA AATAGTCATC AAAAAGATAA	5520
5	AACACCACAA TCAACAAATT TAACGAGGAA GAATAAAAAA TAAATCAACA TATTAAATTG	5580
	TAGTGTATT CAACTCCGTA GCTAACAATT CTCTATTAC ATTAAACAAA TTGTCAAAAA	5640
	TATATCATAA ATCTTCAAGC ACAGACTTAG CGCATCAATC ACTGAACTGT TATAATAGTT	5700
10	TGGGATTAAA GGAGGCCGAA ACAATGCAAA AAGTTGAAAG TATCATAATT GGTGGAGGGC	5760
	CATGCCGATT AAGTGCGGCT ATTGAACAAA AAAGAAAAGG TATTGATACC TTAATTATTG	5820
	AAAAGGTAA TGTCGTTGAA TCAATCTACA ATTATCCTAC TCACCAAACA TTTTCTCAT	5880
15	CAAGTGATAA ATTAAGTATT GGGcGAgTAC CGTTTATCGT TGAAGAAAGT AAACCAAGAC	5940
	GTAATCAAGC GCTAGTTTAT TACCGAGAAG TTGTAAACA TCATCAATTA AAAGTAAATG	6000
20	CATTGAAGA AGTATTAAT GTTAAAAAAA TGAATAATAA ATTTACTATT ACTACGACGA	6060
	AAGATGTTA TGAATGTCGA TTTTAAACAA TCGCGACAGG CTATTATGGT CAGCATAATA	6120
	CATTAGAAGT TGAAGGTGCG GATTACCTA AAGTGTTCCA TTATTTTAA GAGGCACATC	6180
25	CGTATTTTGA TCAAGATGTT GTAATTATCG GTGGTAAGAA TTCGGCTATC GATGCTGCTT	6240
	TGGAGTTGGA AAAAGCTGGT GCTAACGTGA CGGTTCTATA TCGTGGTGGA GATTATTGCG	6300
	CTTCAATTAA ACCGTGGATA CTTCCAAATT TCACAGCATT AGTAAATCAT GAAAAAATTG	6360
30	ACATGGAATT TAATGCTAAT GTTACCCAAA TAACTGAAGA TACTGTGACT TATGAAGTAA	6420
	ATGGTGAAAG TAAACGATA CACAATGATT ATGTATTTGC GATGATTGGT TATCATCCCG	6480
	ATTATGAATT TTTAAATCT GTAGGCATT CAAATTAATAC AAATGAATTT GGAACAGCGC	6540
35	CTATGTATAA TAAAGAAACA TACGAAACAA ATATCGAAAA TTGCTATATT GCAGGTGTAA	6600
	TTGCTGCAGG GAACGATGCG AATACCATTT TTATTGAAAA TGGTAAATTC CACGGGGGCA	6660
	TTATTGCTCA AAGCATGCTA GCTAAGAAAC AAACGCCCTT AGAATCATAA AAATAAAGGT	6720
40	CTATGTACTA AATAACTTAG TTTACAACG ACTGACATT ATGATATGTC AAATGAGGTT	6780
	GATGACTATT GATTGTACAT AGACCTTTTT ATGTTACGTA TTCATTATAA TTCAAAATAT	6840
45	GATTGATTT CAGCTTTATC TAAATTGTTG CTTAACGCGA CTAATAATTT TAATCTTGCT	6900
	TTTGGACCAT TCAAGCCGTT AGAAAAAATA AAACCTTGTT GTGCGAGTTG GTAACCACCA	6960
	CCATCGTATG CGTAAGTTGG ACTCACAATA CCATTAAAGG AACGTGAAAC TAGCACAATA	7020
50	GGTATATTTA AAGATACTAA TTGTGAATG CCTTCTAATG CGCTTGGAGG TATGTTGCCT	7080
	TGTCCTAACG CTTCAATAAC CATACCATCG ATACCTTCTC GACTATAAAA ACTAAAAATG	7140

55

TCCAATGCTT GTTGGCGATA TGGCATATGA TGGAAATTGCA CACGATCCTT TGTCAATACA 7260
 CCTAGCGGAC CATGATTTGG ACTTTGAAAT GTGTTTGTAT TAGACGTATG TGTTTTGGTA 7320
 5 ACATTACGCG CCGTATGAAT TTCATCATTA AaTACAACCA TCACGCCTTT ATGACGGGCC 7380
 TTTTCATCAG AGGCAACGCG AATAGCGGAA ATATAATTAT ATAATCCGTC AGAACCAATT 7440
 TCATTAGACG AGCGCATTGG CCAAGAAaTA ACAACAGGTT G 7481

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 237:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 6346 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

15 (C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 237:

ATGAATTATA CCTTCCAATA GAAGTGTCGG TATTTATGTG CCTGGTGGTA AAGCAAGTTA 60
 TCCTTCAACG GTATTAATGA CAGCGACGTT AGCACAAGTA GCAGGTGTGG AAAATATTGT 120
 25 CGTTGTGACA CCACCTCAAC CTAATGGTGT GTCTCAAGAA GTATTAGCAG CATGCTATAT 180
 TACGCAAGTT GATCAAGTAT TTCAAGTTGG TGGTGCTCAA AGTATTGCTG CGTTAACTTA 240
 TGGCACAGAA ACGATACCTA AAGTTGATAA GATTGTAGGT CCAGGCAATC AATTTGTTGC 300
 30 ATATGCCAAG AAATATTTAT TTGGACAAGT AGGTATTGAC CAAATAGCTG GACCAACAGA 360
 AATAGCACTT ATTATTGATG AAACAGCAGA TTTAGATGCC ATCGTATATG ATGTTTTTGC 420
 ACAAGCAGAA CATGATGAAT TAGCACGTAC ATATGCCATT AGTGAAGATG CGCAAGTCCT 480
 35 TAAAGATTTA GAATCACGTA TTGCTAAAGC ATTGCCTAAT GTGGACAGAT ACGACATTGT 540
 TTCTAAAAGT ATCGCTAATC AACACTACCT TATCCATGCT AGTAATTTTG ATGAAGCATG 600
 CCATGTCATG AATACAATCG CGCCTGAACA TCGTTCGATT CAAACAGTAA ATCCTCAACC 660
 40 ATATATTGAA AAAGTGAAAT ATGTGGGTGC ATTGTTTATT GGACATTATT CGCCAGAGGT 720
 CATAGGAGAT TACGTTGCAG GTCCAAGTCA TGTATTACCT ACAAATAGAA CAGCTAGATT 780
 45 TACCAATGGG TTATCGGTCA ATGATTTCTT AACACGGAAC ACGGTCATCC ATTTATCAAA 840
 AGATACGTTT GAACAAATTG CTGATTCAGC ACAACATATT GCTCATGTTG AAGCATTATA 900
 CAATCACCAG CAGTCTATTT TAATACGTCA GTCTTAGGGG AGTGTAATTG AAATGATTTA 960
 50 TATTGATAAA AATGAAAGTC CAGTTACGCC GTTGGATGAA AAAACAATGA CGTCTATTAT 1020
 TAGTGCAACg CnATATAATT TATATCCTGA TGCAGCATAT GAACAATTCA AGGAAGCTTA 1080

	GATTCAAAAG TTAATGCTGA TCATGCCAGA AGGTCCGGCA TTAACGCTAA ATCCTGATTT	1200
	TTTTATGTAT CAAGCATATG CGGCACAAGT AAATCGTGAA ATTGCATTTG TAGATGCAGG	1260
5	ATCAGATTTA ACGTTTGATT TGGAAACCAT TTAAACGAAA ATCGATGAAG TACAACCATC	1320
	ATTTTTTATT ATGAGTAATC CACATAACCC TTCAGGCAAG CAATTTGATA CGGCATTTTT	1380
	AACAGCTATT GCAGATAAGA TGAAAGCATT AAACGGATAC TTTGTCATTG ATGAAGCATA	1440
10	TTTAGATTAT GGTACGGCAT ATGACGTGGA ACTGGCACCA CACATCTTAA GAATGCGTAC	1500
	ATTATCAAAG GCGTTTGAA TTGCCGGCTT AAGATTAGGT GTCTTAATTA GTACTGCTGG	1560
15	AACGATAAAG CATATTCAAA AAATAGAACA TCCATATCCA TTAAATGTAT TTACGCTAAA	1620
	TATTGCGACT TATATTTTAA GACATAGAGA AGAGACAAGA CAATTTTAA CGATGCAACG	1680
	ACAGTTAGCT GAGCAGTTAA AACAAATATT TGATACACAT GTTGACAGATA AAATGTCAGT	1740
20	GTTCCCATCA AATGCTAATT TTGTACTTAC TAAAGGCTCA GCAGCGCAAC AATTAGGACA	1800
	ATACGTATAT GAACAAGGAT TTAAACCTCG CTTTATATGAT GAGCCGGTGA TGAAGGGCTA	1860
	TGTAAGATAC TCAATTGCAA CAGCATCACA GTTAAAGCAA TTAGAAGAAA TTGTTAAAGA	1920
25	ATGGAGTGCA AAATATGATT TATCAAAAAC AACGAAACAC AGCTGAAACG CAACTAAATA	1980
	TTTCAATATC TGATGATCAG TCACCATCGC ATATTAATAC AGGTGTGGGC TTTTAAATC	2040
	ATATGTTAAC CTTGTTTACA TTTCATAGCG GTCTGTCATT AAACATTGAG GCACAAGGTG	2100
30	ATATTGACGT AGATGATCAC CACGTAACGT AAGATATCGG CATTGTCATT GGCCAATTGT	2160
	TACTTGAAAT GATTAAAGAT AAAAAGCATT TCGTTCGTTA TGGAACGATG TACATTCCAA	2220
	TGGATGAAAC ATTAGCACGT GTCGTTGTGG ATATAAGTGG GCGCCCATAC CTATCATTCA	2280
35	ATGCATCATT AAGTAAAGAA AAAGTTGGTA CGTTTGATAC GGAGTTAGTA GAAGAATTTT	2340
	TTAGAGCGGT CGTAATCAAT GCAAGATTAA CAACGCATAT TGATTTAATT CGTGGAGGTA	2400
	ATACACACCA TGAAATTGAA GCTATATTCA AAGCGTTTTT CCGTGCATTA GGCATAGCGC	2460
40	TAAGTGCAAC TGATGATCAG CGTGTGCCGT CATCGAAAGG TGTGATTGAA TGATTGTCAT	2520
	CGTTGATTAT GGATTAGGGA ATATTAGTAA TGTAAAACGC GCTATTGAAC ATTTAGGGTA	2580
45	TGAGGTGGTT GTCTCAAATA CCTCAAAAAT AATCGATCAA GCAGAAACAA TCATATTGCC	2640
	CGGTGTCGGC CATTTTAAAG ATGCGATGTC AGAGATAAAA CGATTAAATC TCAATGCAAT	2700
	ATTGGCTAAG AATACTGATA AGAAGATGAT TGGTATTTGT TTAGGCATGC AATTAATGTA	2760
50	TGAGCATAGT GATGAAGGCG ATGCATCTGG ATTAGGGTTT ATCCCAGGAA ATATTTGCGG	2820
	TATCCAAACA GAATACCCAG TGCCCACTT AGGCTGGAAT AATTTAGTGA GTAAGCACCC	2880

	AATTGCATAT GCGCAGTATG GGGCTGATAT TCCGGCAATT GTTCAATTTA ACAATTATAT	3000
	TGGTATTCAA TTCCATCCTG AAAAAAGCGG TACATATGGG TTACAAATTT TGCCTCAGGC	3060
5	AATACAAGGG GGATTTATAA ATGATTGAAT TATGGCCAGC GATTGATTTG ATTGGGTCAA	3120
	CAAGTGTGAG GTTAACAGAG GGTAAATATG ATAGTGAAGA AAAAAATGTCA CGCTCGGCTG	3180
	AAGAAAGTAT TGCTTACTAT AGTCAATTTG AATGTGTGAA TCGTATTCAT ATCGTCGACT	3240
10	TGATAGGTGC TAAGGCACAG CATGCCCGAG AGTTTGATTA TATTAAGTCA TTGAGGAGAT	3300
	TAACAACCAA AGATATTGAA GTAGGTGGTG GCATTCTGAC GAAGTCACAA ATCATGGACT	3360
	ACTTTGCCGC AGGGATTAAT TATTGCATAG TTGGAACGAA AGGTATTCAA GATACTGATT	3420
15	GGCTTAAAGA GATGGCACAT ACATTTCCAG GTCGCATTTA TTTATCTGTT GATGCCTATG	3480
	GAGAAGATAT TAAAGTGAAC GGATGGGAAG AGGACACAGA GTTAAATTTA TTTAGTTTGT	3540
20	TGAGACGGTT ATCGGATATA CCTCTTGGCG GCATTATATA TACTGATATT GCTAAAGATG	3600
	GCAAAATGTC CGGACCTAAC TTTGAATTAA CTGGTCAATT AGTAAAGGCA ACGACGATTC	3660
	CTGTCATTGC TTCCGGTGGT ATTAGACATC AGCAAGATAT TCAACGATTA GCGTCGCTAA	3720
25	ATGTTACGCG TGCTATTATA GGAAAGGCTG CACATCAAGC ATCTTTTGGG GAGGGGCTAA	3780
	AATGATTAAA AAACGTATCA TTCCATGTTT AGATGTCAAA GATGGTCGTG TCGTTAAAGG	3840
	GATTCAATTT AAAGGATTAA GGGATATTGG GAATCCTGTT GATTTAGCAA TGTATTACAA	3900
30	TGAAGCGGGT GCTGATGAAT TAGTATTTTT AGACATCTCT AAGACGGAAG AGGGTCATAG	3960
	CTTAATGCTA GAAGTGATTG AACAGACAGC GTCACGCTTG TTTATCCCTC TTACTGTAGG	4020
	GGGTGGGATT CAAAGTCTCG ATGATATTAC CCAATTGCTA AATCATGGTG CAGATAAAGT	4080
35	ATCATTAAAT TCAAGTGCTT TAAAAAATCC ACAGTCATT AAACAAGCGA GTGATAAATT	4140
	CGGTAGACAA TGCATCTGCA TAGCAATTGA TAGCTATTAT GATCCTGAAA GAAAAGCACA	4200
40	TTATTGTTGT ACGACTGGTG GTAAAAAAT GACAAATATT AAAGTATATG ACTGGGTACA	4260
	GCAAGTAGAA CAGTTAGGTG CAGGTGAGCT CCTCGTTACA AGTATGGGAC ATGATGGTAT	4320
	GAAACAAGGC TTTGATATTG AACACCTAGC AAATATTAAG TCTCTGTAA ATATTCCAAT	4380
45	CATTGCTTCT GGTGGTGGTG GCAATGCACA ACACTTTGTA GAATTATTTG ATCAGACGGA	4440
	TGTTTCTGCA GGTTTAGCTG CAAGTATATT ACATGATCGA GAAACGACGG TTCAATCTAT	4500
	TAAAGAAGTG ATACGGCAAG GGGGTATAGC AGTAAGATGA CCAAATATAA AATTGATTTT	4560
50	AGCAAAGGTT TAGTGCCAGC AATTTTACAA GATAATCAAA CAAAACAAGT ATTGATGTTG	4620
	GGTTATATGA ACCAAGAAGC TTTTGATAAA ACGATAGAAG ATGGTGTGGT ATGTTTCTAT	4680

55

	AAAGATATTC ATGTAGATTG CGACAATGAC ACTATTTTAA TTGATGTCAT ACCAAATGGA	4800
	CCAACATGTC ATACAGGCAG TCAAAGTTGT TTCAACACAG AAGTTCCATT TTCAGTGCAA	4860
5	ACATTAGCGC AGACAGTTCA AGATAGTGCC CAATCCAATA ATGAAAAGTC ATATACAAAA	4920
	TATTTATTAA CAGAAGGTAT AGAAAAGATT ACAAAAAAAT ACGGTGAAGA AGCTTTTGAA	4980
	GTCGTAATTG AAGCAATTAA AGGTGACAAA AAAGCATTTG TAAGTGAAGT AGCAGATGAA	5040
10	CTTTATCATT TATTTGTCTT GATGCATGCG CTTGGCGTCG ATTTTTCAGA AATTGAGGCG	5100
	GAATTAGCGC GTAGACATCA TAAGCGCAAT AACTTTAAAG GTGAACGACA AAATATCGAA	5160
	CAGTGGTAAA GCAAGTATGG ACTAAGATAT AAGGAAAAGG ATCATGGCTT ATACACTTAC	5220
15	AAATATTGTG GAAAACGTGA CATTTTCAAG TTTAAAATAC GACACCAACA TATTTTAACT	5280
	ATGAATGCTG TGATGGTACT AAAGTTGCGA ACTCGTTATA GATAAGTAGT GGATAATCAC	5340
	AATACGAAAT CAAAAATAAT TATAAAAAGT AAATTGAGCA ACTCAGGAAT AGATGTCACT	5400
20	GTTAAAGATG TCGAAAAGTA TATGAATCGA TATAATGAAG TTATGAAGGG AAAAAATGGC	5460
	GAAAAAGCTA AAGAGTTATG TTTGTCTGTA CTACCTATTA ATATCATAGT TGTCTTTACA	5520
25	TTCTTTGTAT TTATACTATA AATACAAATA TATCTAGCCT GAAATAGAAA TGTCATAGCC	5580
	TATTTAAAAG ACAATCTCCA TTAGAACTAA GATATGCATC CCGAAAGTTA GACTAAAAAA	5640
	CTAACTTTAT GGGATGTATT TTTATGCTAA TCATCATAAA TTCGAGATTA AGTTAAAGGT	5700
30	AGTTCAGAG TAATTAAACA ATAAATWAAA AATAGTAGGA TACTTACTTT GAGGGAAGAA	5760
	AAATTAAGTGT ATATATTTAG TTTAGGAACA AGTATTACGG TTTATCCTGA TACAATTATT	5820
	GTGGATGGGA TGATATTTTT AGGTTTAAAA TACGACACCA GCAAACATAA TAACTGTAAT	5880
35	AGCTCATAAA TCTCCCCATA TAGCTAATCT AAAAAAATAA TACATCATTG GAATTAAAGCC	5940
	CCAAGCATGT AAATATTAAA AATCAAAAMA GATATmTGTA AAAaAGTTAC AATTtGCATA	6000
	ATTAAATTGT GTCTAATTAT TGAATAATTA AATTTTGCCA AATATAATAT TAATTAATAA	6060
40	TTTGaAATGA TTAGCGTATA CACTTTAAAT TCTCTTTGGA GAATATATTT TTAAATACA	6120
	AATGTAAACG CTTTCTCGTC AAATTAAACA ATAGAAAGGA TGGTCATTAT GAGTGCTTGG	6180
45	TTAAGTAAAT TATTTGAGTT TATTCCTCGA ATAATTATCA ATTTGTTTAT CTAAATATAA	6240
	AAAATAGAGG TGCTGACAAT GATGAAAAGT CAAAATAAGT ATAGTATTCG TAAATTTAGT	6300
	GTAGGTGCAT CTTCATTTT AATAGCTACA TTACTATTTT TAAGTG	6346

50 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 238:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 3775 base pairs

55

(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 238:

	TGATAATGAT TCTCATTGTC ATACATCACG AAGGAGGCTA ATTAGTCAAT GAATAAAGTA	60
10	ATTAAATGC TTGTTGTTAC GCTTGCTTTC CTACTTGTTT TAGCAGGATG TAGTGGAAT	120
	TCAAATAAAC AATCATCTGA TAACAAAGAT AAGGAAACAA CTTCAATTAA ACATGCAATG	180
	GGtACAAC TG AAATTAAAGG GAAACCAAAG CGTGTGTTA CGCTATATCA AGGTGCCACT	240
15	GACGTCGCTG TATCTTTAGG TGTAAACCT GTAGGTGCTG TAGAATCATG GACACAAAAA	300
	CCGAAATTCG AATACATAAA AAATGATTAA AAAGATACTA AGATTGTAGG TCAAGAACCT	360
	GCACCTAACT TAGAGGAAAT CTCTAAATTA AAACCGGACT TAATTGTGCG GTCAAAAGTT	420
20	AGAAATGAAA AAGTTTACGA TCAATTATCT AAAATCGCAC CAACAGTTTC TACTGATACA	480
	GTTTTCAAAT TCAAAGATAC AACTAAGTTA ATGGGGAAAG CTTTAGGGAA AGAAAAAGAA	540
	GCTGAAGATT TACTTAAAAA GTACGATGAT AAAGTAGCTG CATTCCAAAA AGATGCAAAA	600
25	GCAAAGTATA AAGATGCATG GCCATTGAAA GCTTCAGTTG TTAAGTTCCG TGCTGATCAT	660
	ACAAGAATTT ATGCTGGTGG ATATGCTGGT GAAATCTTAA ATGATTTAGG ATTCAAACGT	720
	AATAAAGACT TACAAAAACA AGTTGATAAT GGTAAAGATA TTATCCAAC TACATCTAAA	780
30	GAAAGCATT CATTAAATGAA CGCTGATCAT ATTTTGTAG TAAAATCAGA TCCAAATGCG	840
	AAAGATGCTG CATTAGTTAA AAAGACTGAA AGCGAATGGA CTTCAAGTAA AGAGTGGA	900
35	AATTTAGACG CaGTTAAAAA CAACCAAGTA TCTGATGATT TAGATGAAAT CACTTGGAAC	960
	TTAGCTGGCG GATATAAATC TTCATTAAAA CTTATTGACG ATTTATATGA AAAGTTAAAT	1020
	ATTGAAAAAC AATCAAAATA ATTAAGGAGT TTTACGATGC TACTTAAACC AAAATACCAA	1080
40	ATCGTTATTG CTGGTTTATG TCTTGCAATA GTAGCTATCT TAAGTTTAAAT GATTGGAAAT	1140
	ACGCTTGTGT CACCAGGTAC GGTGATACAG GCGTTATTCA ACTTTGATAG TGAAAACGAT	1200
	TTACATGATG TTGTCCTGG TGCACGGGCG TCGAGAACAA TCATTGCGTT ATTGACTGGT	1260
45	GCTGCCCTTG CTGTCTCAGG TTTGTTGATG CAAGCACTTA CACGAAACCC AATAGCCTCA	1320
	CCAGGGCTTT TCGGTGTCAA TGCAGGCGCA GTATTTTTTG TCATTTTATG TATTACATTT	1380
	ATCCAAATTC AATCTTTTAA AATGATTGTA GTTATTGCAT TTTGGGGGC TATTGTTGTT	1440
50	ACTGTATTAG TTGTTGCACT AGGTATGTTT AGACAAACAC TATTCTCACC TCACCGTGTC	1500
	ATTTTGCGAG GTGCTGCGAT TGCATGCTA TTTACAGCCT TTACTCAAGG CATACTTATT	1560

55

	AATATTTGGG ATATCCCATG GATTATTCCG CTTGTATTGA TACTTATTTT AATTGCATTT	1680
	AGCATGGCTG CACACATCAA CATCTTGATG ACAAGTGACG ACATTGCAAC CGGCCTCGGT	1740
5	CAAAACATAA AATTAATCAA ATGGATGATT ATTATGCTCA TCAGTATGTT AGCCGGTATT	1800
	TCGGTAGCCG TAGCTGGATC AATCGTCTTT GTGGGTCTTA TCGTACCGAA TATTAGCAAA	1860
	CGATTATTAC CACCAAACTA TAAGTATTTA ATTCCTTTTA CTGCATTAGC TGGAGCAATC	1920
10	CTAATGATCA TTTCAGACAT TGTGCTCGT ATAATAATTA AGCCACTAGA GTTGCCTATC	1980
	GGTGTCTTA CCGCTGTCAT TGGCGCTATT GTCTTAATCT ATATTATGAA GAAAGGACGT	2040
	CAACGCTTAT GACCGAAAAG ATTAATAAAA AAGACAATTA CCATCTCATC TTCGCGTTAA	2100
15	TCTTTTATAGC CATCGTTTCA GTGGTAAGTA TGATGATTGG TTCAAGCTTT ATACCATTAC	2160
	AACGCGTACT GATGTACTTT ATAAATCCAA ATGACAGTAT GGATCAATTC ACTTTAGAAG	2220
20	TATTACGCTT ACCTCGCATT ACACTTGCGA TTTTAGCAGG TGCCGCACTA GGAATGAGTG	2280
	GTTTAAATGTT GCAAAATGTA TTAAAAATC CAATTGCCTC ACCTGATATT ATCGGTATCA	2340
	CAGGTGGTGC TAGCTTAAGT GCTGTTGTCT TTATTGCATT TTTCAGCCAT TTAACAATAC	2400
25	ATTTACTTCC ACTATTTGCA GTATTAGGTG GCGCAGTTGC AATGATGATA CTATTAGTGT	2460
	TTCAAACGAA AGGACAAATA CGCCCGACAA CACTCATAAT CATCGGTATT TCGATGCAAA	2520
	CGTTGTTTAT TCGCCTTGTC CAAGGATTAC TCATTACAAC GAAGCAATTA TCTGCTGCCA	2580
30	AAGCTTATAC ATGGCTAGTC GGAAGTCTTT ACGGTGCTAC GTTTAAAGAT ACAATCATTT	2640
	TGGGTATGGT TATTTTAGCT GTTGTGCCGT TGTTATTTCT TGTTATACCA AAAATGAAAA	2700
	TATCTATACT TGATGACCCT GTAGCGATTG GCTTAGGCTT ACATGTACAA CGTATGAAAC	2760
35	TAATCCAATT AATCACTTCT ACTATACTCG TATCTATGGC AATCAGTTTA GTAGGTAACA	2820
	TTGGSTTTGT CGGTTTAATC GCACCACATA TCGCGAAAAC AATCGTTCGC GGAAGTTATG	2880
	CTAAAAAGTT ACTAATGTCA GCAATGATTG GTGCCATATC AATTGTTATT GCAGACTTAA	2940
40	TTGGGCGTAC CTTATTCTTG CCTAAAGAAG TGCCAGCAGG TGTATTTATT GCTGCTTTTG	3000
	GTGCCCCATT CTTATATATC TTATTATTAA CCGTGAAAAA GTTATAACGA TATTATTAAA	3060
45	ACAAAATGAC CTCACAACGA AGTTAGCTAA ATGATTCAGT TAACTAACCG TTGCGAGGTT	3120
	TTTTTATACA TATAGTIGTT GTTATTGTTA ACAAGCGTCG ACTTTCTTAA TTACATATTA	3180
	ATACTTTATA TACAAATAAC ACCGACTCAT ATTCTATAAT ATCAATCAAT ATTCTTCGAT	3240
50	TTTTCAAATA TCGATAACTA TTCTTATTT AAATATAGTG TTTGATAATG TCATTTATTC	3300
	AAAAACACAA ATTTTAATAA AAATATCATA TTATTTTAA TTGTAAATTA TGGATTATTT	3360

55

	ATATAATAAC CATGACAAAA TTAGAGATTT TATAATCATT GAAGCATATA TGcncCGTTT	3480
	TAAGAAAAAA GTCAAGCCTG AAGTCGATAT GACTATAAAA GAATTTATAT TACTGACTTA	3540
5	TTTATTTTCAT CAGCAAGAAA ACACACTTCC ATTTAAGAAG ATTGTTTCAG ATTTATGTTA	3600
	TAAACAATCG GATTAGTAC AGCATATAAA AGTACTTGTG AAACATTCAT ATATTAGTAA	3660
	AGTTCGAAGT AAAATTGATG AGCGTAATAC TTACATTTCA ATATCTGAAG AACAACnAGA	3720
10	nAAAATTGCA GAACnTGTTA CATTGTTTGA TCAAATCATT AAACAATTTA ACCTT	3775

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 239:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1361 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 239:

	AGAAAAATTA GCCTACCTAT GCAAGTTGTT ATTGCATTAG TGTTAGGTGT TGTCGTAGGA	60
25	CTTTTATTAT ATGGACAAGA AAACGTAGCA AATTACATTA AACCATTGCG TGACGTATTT	120
	TTAAATTTAA TTAAGATGAT CGTTATACCA GTTGATTTT GCTCACTAGC GCTTTCTATT	180
	TCGAACGTTG GGAATCGAA AACTGTAGGG CGTTATGGCT GGaAAACAAT TTTATACTTT	240
30	GAAATTATTA CAACAATCGC AATAGGTTTA GGGATTATCT TCGGTAACCT ATTTAAACCA	300
	GGTGCTGGAT TAGACCCAAC AAAATTACCT AAAGGTGATA TTTCTAAATA TCAATCAACT	360
	GCACATGCAG CAGAACAATC TACATATGGA AATCATTTTA TTGATACCAT TGTACATATT	420
35	ATTCCGACAA ACTTTTTTGA AGCTTTAAAT AAGGGTGAAT TATTACCTAT TATCTTCTTC	480
	GCAGTATTCT TTGGATTAGG ATTAGCTGCT GTAGGTAAAA AAGCAGAACC AGTTAAAGAA	540
	TTTTTAAGCG GATCGCTTGA AGCTGTGTTT TGGATGATTA ATAAAATTTT AAAATTAGCA	600
40	CCACTTGGAG TGTTTGCATT CATTTGTACT ACAATTATTA CATTTGGTGC ATCCGCATTA	660
	TTACCACTAT TAAATTAGT ATTAGTTGTT GTCTTTGCAA TGGTGTCTT TGTATTGCTT	720
45	ATACTAGGAC TAGTTGCATG GATGTGTGGT ATTAATATCA TGAATATTAT TAGAATCTTG	780
	AAAAGTGAAT TGCTTTTAGC ATTTTCTACA TCAAGTTCGG AAGCTGTACT TCCTGTAATG	840
	ATGAAGAAAA TGGAAGACTT CGTTCTCCA AAAGAAATTA CTTCTTTTGT TATACCAATT	900
50	GGTTATACGT TTAACCTAGA TGGATCAGCA CTTATCAAT CTATTGCAGC ATTATTCGTT	960
	GCACAGATGT ATGGAATGCA CTTAACATTA TCAGAGCAAA TTGTGTTGAT GTTAACATTA	1020

ACATTAGGTG CCATGGGCTT ACCGGCACAA GGTTTAGCAT TAATTATTGG TGTGACCGT 1140
 ATCTTAGATA TGGTACGTAC ATGTGTAAAC GTTATTGGTA ATGCATTATC AACAATCGTT 1200
 5 ATAGCTAAAT GGGAAAACGT ATATGACAAA GCAAAAGGTC AAGAATATTT AAAATCAATT 1260
 TAAAAAATAC TATCTGACAT TTAAGnCCC TTACAACCTT TGGTTgTnAG GGCTnTTTTA 1320
 TGTTCATGCGT CTTAAAGCCA GGCCGTATAn CGGTAAGCGT A 1361

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 240:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1489 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 240:

20 TCAATATGTA AATCGGCGAT TGTCCCTATC tTCATACCCT TACCttCTTT ACTCAAATTA 60
 AAATGTTATT TATTATGCCA TaGCTTATCT AATATATATA GTTAACTGCT TCATTAGAT 120
 25 GATTATTTTA TATTTTGTCA TAAAACTTA TATCTTTTCA AAAAAATCGA TAAGTTTtag 180
 TTATCATACC CTTACCTATC AAATGTTTTT TCTTATATTT AAAAAATAA TTGCTTTATT 240
 AAATGGATTT CTTTAGTATT TATAATTAAG AAAACGCTTA CACACAACCT TTTTATTTGC 300
 30 TTTATCCTGA GGAGGAAAAT TATGGCAAGA AAATTGCATA GAGAGTTGAA TAACAGACAC 360
 ATCCAATTAA TAGCAATTGG GGGCGCAATT GGAACGGGT TATTCCTAGG ATCAGGTCAA 420
 ACAATATCTT TAACTGGTCC ATCACTGTTA TTCACATACA TGATTATTGG GGTGTACTA 480
 35 TTCGCTTTTA TGCGCGCATT AGGCGAATTG TTGTTGAGCA ATACAAGATT TAATTCATTT 540
 GTTGATATTG CAAATGAATA TTAGGCCCT TTTGGTGGCT TTGTCATTGG CTGGACTTAC 600
 TGGTTATGTT GGATTGTATC AAGTATGTCA GACCTAACTG CGATGGGACA ATACTTTGCA 660
 40 TTTTGGTATC CACAAGTCCC AAATTGGATT ACCGTGCTAT TTATTGTTTT AATCTTGATT 720
 AGCTTCAACT TATTAGGTGC CAGATTATTT GGTGAACCTG AGTTTTGGTT CTCGATTATT 780
 AAAGTTGTCA CAATTATTGC GATGGTTATC GTTGGTCTTG TATTAATCTT TTTCTCATTT 840
 45 AAAACACATT ATGGACATGC ATCATTACAA AACTTAATCA GTCACGGTGG CATGTTCCCT 900
 GGTGGAaCAT TTGTTTCTT AATGTCATTC CAAATTGCTG TATATTCAAT CATTGGTATT 960
 50 GAACTTATAG GTGTAACTGC TGGTGAAaCG AAAGATCCTG AAAAAACCTT ACCGAAAGCA 1020
 ATTAATAATG TACCTATCCG TATTTTATTA TTCTATATCG GTGGTCTATT AGTAATTATG 1080

TTAATCGGCG TACCATTTGC AGCAGGTGTC GTTAACTTTG TCGTGCTAAC TGCCGCGGCC 1200
TCTGCTACAA ATAGTGGTAT CTATTCGAAT AGTCGTATCT TATTCGGACT GTCACAACAA 1260
5 GGGTTAGGTC CTAAAGTTTT AAATAAACG AATAGTCATG GCGTGCCTTA TTTATCAATG 1320
TTAGTTTCAT CAATTGCATT ACTTATAGCA GCCTTGTTAA ACTACATTTT CCCTAATGCA 1380
ATTCAACTAT TCATATACGT TACAACGTTA tCAACTGTGT TGTTTTTAGT TGTtTGGGCA 1440
10 ATGATnATTG TCGCTTATCH AATGTATTTG GAAAAAGCAT CCTGAGGCA 1489

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 241:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

15 (A) LENGTH: 5000 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 241:

TTTTCCATCA TtATcACCAT TTAAGACAAT AGCTGTATGA CCATATCCTC CACCAAATCT 60
25 TCCACTAAAA ACCACTAAGT CCCCAGGTTT AGCTTTGAAA GTTGGTGTGT TGTGATAAAT 120
TTTAGCTTCA CTATTAAAAT TATTTGCATA TGGTATATCT TTAGCTCCAT ATCCTTTtAA 180
TCCAAGACCA TAAAGAKGAT TCCAATATAC ATTAACTAAA TCGAAACATT GCCATCCATA 240
30 ACTACCGTCG AAATCCCATC CTCTATTCTC TAATGTTTTT AAATAATTTA ATGTACTGCT 300
ATTACTATTA CTTTTATTAT TTGAAGACAC TGTTTTTGGT TTTGGTTCTA CTAATGGTGT 360
CATTGGCACT TTTAATTTTT GACCAATAAA TATTAAATTA GGATTGCTA TATTATTTGT 420
35 ATTTTGAATA TTTGAACTG TAGTTTGTGA TTTAATGCT ATAGCACTAA GTGTGTCTCC 480
TTTTtTACA GTATAGATTT GTGTTTTTGG AGCTTCTCTA AACTGTAGT AACCAAAGTA 540
ATTATTAGTA ACTTTATTCT TTTCTTCTG ATTAGAATTT TGAGCTTCCA AGTTTGCAAT 600
40 TTTAATTTCT TTAGTAAGTT CATTTGTATT AATAACTAGA TTGTTACCTT GGCTTGAGTT 660
TTTCGGAGTA TTTGAAATCT TTATATCTTG ATTAATTTCA TTCCGTTTG AAATTGCTGA 720
TTTGTTGTCT AACTTTAAAC TTGTGTCCGA TGTTTTAACA GCACCTTCAT TTTTTATTTT 780
45 GTCTTTTGTC GTATTTTTAT TAGCATTTAA CTCTGATTTC GCGAATACAT TTTGCTCATA 840
CCCTCTTGTA AAATCTTTAG ATTTATCAAT TTCATCTGCA TATGCTTTGT TCGACATACC 900
50 CAATGCCAAA AACATACCTA TTGAAATTGA CAAAATTCCA ATACTAACTT TTCTAATTGA 960
ATAGCGTACT TTACTTTGTT GTTTATTCAT GATGAAACAC TCCTTACAAT AATATACAAA 1020

55

	GTAGGAGGTA AAATAATTAA CTGTCTTTC CAAAATATGA AAAGTGTACT AAAaTTCATC	1140
	GCACGACAAA TAGCCCATTT CCGATACTTT TATAAAGTAT GGAaTGGGCT ATAGCCATTT	1200
5	ATATCATCTT TTAACCTTAT TTATTAACAG TTAATAATGA TTCATAAATA CCTGCTTCTT	1260
	TAGCAGCTTC AATTAATGTT GAACCAATTT CTGAAGGTGT TGCCGCTGTT TTCACACCAC	1320
	AACTATTTAA TGTTTTAATT TTCTCTTCAG CAGTACCTTT ACCACCTGAA ATGATTGCAC	1380
10	CAGCATGTCC CATACGTTTT CCAGGAGGTG CTGTTTGTCC ACCGATAAAG CCTACAACCTG	1440
	GTTTTGTCTAT ATTCGCTTTA ATCCATTTCAG CTGCTTCTTC TTCAGCCGTA CCACCGATTT	1500
	CACCAATCAT AACAACTGCT TTCGTTTCGT CATCTTCATT GAATGCTTTT AAAACATCAA	1560
15	TAAAGTTTGT TCCGTTGACT GGGTCTCCAC CAATACCAAC AGCTGTAGTT TGACCAATAC	1620
	CTTCTTCAGT CAATTGGTGC ACTGCTTCAT ATGTTAATGT ACCTGAACGA GATACTACAC	1680
20	CAACATGACC TTTTTTGTA ATATAGCCAG GCATAATACC AATTTTACAT TCATCTGCTG	1740
	TAATCACACC TGGACAGTTC GGACCAACTA AACGTGTTTT TCTACCTTGT AAGTAGCGTT	1800
	TAACCTTAAC CATGTCTAAT ACAGGAATAT GTTCAGTGAT ACAAATAACC ATATCTAAGT	1860
25	CTGCATCAGC TGCTTCTAAA ATTGAGTCTG CAGCAAATGG TGCTGGAACG TAAATGACTG	1920
	AAACCGTTGC CCCAGTTTCA TTTTGTAGCTT CTTCAACAGT GTTGAAAACA GGAACGCCTT	1980
	CAACAACCTG ACCACCTTTA CCAGGCGTCA CACCTGCTAC TATTTTCGTA CCATAATCAA	2040
30	GCATTTGTTT TGTATGGAAG AGGGCAGTAG ACCCTGTAAT ACCTTGTAAC ATTACTTTAG	2100
	TATTCTTATC TATAAATACA CTCATCTTAG TGCTCCCATC CTTTCCTTAT GCTTCTTTGA	2160
	CTAGTTTAAC AATTTTTTGT GCACCTTCAG CCATTGTTGC TGCTGGTTCA ATTGCTAATC	2220
35	CTGAGTCTTT TAAGATTTTT TTACCTAACT CAACATTGT ACCTTCTAGG CGTACAACCTA	2280
	GTGGTAAAGT TAAATCTACT TCTTTTACAG CTTCAACGAT ACCTTCTGCG ATAACATCAC	2340
	ATTTTCATAAT GCCACCGAAA ATGTTTACAA AAATACCTTT AACATTTTCA TCACCTAAAA	2400
40	TGATTTTAAA TGCTTCAGTT ACTTTTTCTC TAGTAGCGCT TCCGCCTGCA TCTAAGAAAT	2460
	TGGCTGGGTT TCCACCGAAA TGATTAATCG TATCCATTGT TGCCATGGCT AAACCTGCAC	2520
45	CATTAACCAT ACATCCGATG TCACCATCTA ATGCAATGTA TGATAAATCA TGTITAGACG	2580
	CTTCAATCTC TTTCGGATCT TCTTCTTCTA AATCACGTAA TTCTACAACA TCTTTATGTC	2640
	TGAATAATGC ATTATCATCA AAATTAATTT TAGCATCTAA TGCCAATACA TCACCATCAG	2700
50	CTGTTGTAAC TAATGGGTTG ATTTCTACGA TTGAACAATC TTTTCAATG AATACATTAT	2760
	AAAGTGCTAA TAAGAATTTA GCAGCTTTGT TAACAGATTC TTTAGGAATA TTAATATTAA	2820

55

	AGATCTTTTC AGGAGTCTTC GCAGCAACTT CTTCAATCTC AGTGCCCCCT TCTTCAGACG	2940
	CCATCAATGT TACTTGGTCA GTCGCACGAT CAATAACGAA TCCAACGTAA TATTCTTTTT	3000
5	GAATAGCACA ACCTTCTTCG ATATATAAAC GCTTAATTTT TTTACCTTCT GGACCAGTTT	3060
	GATGTGTAC CAAAGTTTTT CCTAATAATT CTTTTCGATA TGTTCCTACC TCAGATAAAG	3120
	ATTTAGCAAT TTTTACTCCG CCTGCTTTAC CTCTACCTCC AGCATGAATT TGTGCTTTTA	3180
10	CAACATAAAC ATCAGAATTT AATTCTTTTG CTTTCTCCAC CGCTTCTTCA GCAGTAAATG	3240
	CTACTCGTCC TTCTGGAAGT GCAACGCCCA TTGAACGAAA TATTTCTTTA CCTTGATACT	3300
	CGTGGATATT CATCTTCCAT CCTCCTGTTA CTTAGGTAA GTTCCTTAC AATTATAAAA	3360
15	AATGTAAGCG CTATTGTAAA CTTAAATGCT ACTTTTTTAT CATTTAATTG AATTTTACGA	3420
	TTTACAGTAA CGATTTTATA GGTTCAAAGC TTTTCTATG CTCTTTCATA ATGCCAATAT	3480
20	CATCGATTGC TAGTAAATGT TGTTTGGTAC CGTAACCCGC GTTTTTTTCA AAACCATATT	3540
	CAGGATAATC TTTAGATAAC TGTGTCATAT AATCATCAG AAAAACCTTT GCCATGATAC	3600
	TTGCAGCTGC AATGGACACA CTTCTTGCAT CACCCTTGAT TAAAGATACT TGAGGCAGTG	3660
25	CATTATCAAG CGTCATCGCG TCTATCAATA AATGCGTTGG TTGTACTGAT AATCCATCAA	3720
	TAGCTCGCTG CATGGCGATT TGAGTAGCTT TATAAATATT AAATTCACTT ATTTCTTnCA	3780
	GtGTCGCGAT CCCATATGCA AAAGCAGTAA CTTCATTTTT TAGTGCTTCA TTTAATTCTA	3840
30	GACGTTTCGT AACAGGTACT TTTTTCGAGT CATCAAGGCC CAAATAATTG TGATTGAAT	3900
	TTAAAATTGT TGCGCATGCA ACGACTGGAC CTGCTAAAGG TCCTCTTCCA ACTTCATCAA	3960
	TCCCACAAAT AATAGCATTG GGATGCTCTT TTAATATTTT ATTTTCAAAG TAAGTCATTT	4020
35	CAACATACTT TTCTTTTAAA GCTTGTCTT TTTCTAACGC TTTTCTGCGC CTAGCTATGG	4080
	CATTTGAAC ACCTTTTCGC TCATCTAAAA AGCATTCAAT ATTTTCTAAT TCTTCTATTG	4140
	TATTAACCGC ATTAATCAAC TGCCTAACTT CTTTAATTGT TAGCGTCATT TGCTAATTCC	4200
40	TCAGTCATAT CTTTAAAAAT ATCAAAACAA TAATTTCTTA TTTTAGCATT TCGAATATCA	4260
	TAAATAATCA GTTCAATGAC TGCTTCGTAA TCAATTTTCA TACCACGTCG AATTAAGCCC	4320
45	ACGTTTTTTC CCTATCGCAT CAAACCACGC TATGATTCT GCATCTTCAG GAACTTCAAT	4380
	ATTATAATGT GACTTTAATC GCGCTAAATC ATTTTGAATT AAAAAGTTTA ATCCATAGAT	4440
	GGCAACTTCA TCTAAGTGCA CAATACTATC TTTTATCGCA CCAGTTAAAC TCAACTTCTT	4500
50	ACCGACTTCT TCATCTTCAA ATTTAGGCCA AAGTATCCCT GGTGTGTCTA ATAGTTGTAA	4560
	TGCATTACCA ACTTTAATCC ATTGTTGTTG TTTGGTCACA CCTGGTTTAT TACCAGTCTG	4620

55

AACGATCATT GCTCTTATCG CTCTAGGTTT AAGTCCTTTC GCTTTTTTCGC GTTCAAATTT 4740
 TTCAGCAGTC GCCTTAATTG CTGCAGCTTC CACTTTCTTT AAATTTTTAC CGTGCTTAGC 4800
 5 ATCCACTGAT ACAGGATAGT AtCCTTTATC AATAAAAAAT tGTTCCCATTT TTGACATCTC 4860
 ATTTAAATTA GACATATCTT TTTTATTTAA TATAACAACA CGTGGTTTTT GGTTAATAAC 4920
 TTCATCTATC ATAGGGTTTC TTGAACATA TGGAATTCCT GCATCTACTA GTTCAAACAC 4980
 10 TACATCTACT TTTTTTAATT 5000

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 242:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1700 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 242:

AACCCGnAGA CGAAACTnCA TAGTTGCCTG TTATGTTGAT TAGTGCGTTT GTAGCTATTT 60
 25 nAAATCAAAC ATTATTAAAT ACAGCGTTac CTAGTATAAT GAGAGAATTA AATATCAATG 120
 AAAGTACATC GCAATGGCTA GTTACTGGGT TTATGCTTGT TAATGGCGTC ATGATACCTC 180
 TGACGGCATA TCTAATGGAT AGAATTAAAA CTAGACCTTT ATACTTAGCG GCGATGGGGA 240
 30 CATTTTTATT AGGTTCTATT GTTGCAGCCT TAGCTCCGAA TTTTGGAGTT TTAATGTTAG 300
 CTCGTGTAAT TCAAGCGATG GGTGCAGGCG TACTTATGCC CTTAATGCAA TTTACGTTAT 360
 TTACATTGTT CAGTAAAGAA CATCGAGGTY TtGCAATGGG ACTAGCAGGT TTAGTAATTC 420
 35 AATTTGCACC AGCAATAGGA CCTACAGTTA CAGGATTAAT TATTGATCAA GCGAGTTGGC 480
 GAGTtCCATT TATTATAATT GTAGGAATTG CTATACTTGC CTTTGTTTTTC GGTTTGGTTT 540
 CAATtCTGAG TTACAATGAA GTGAAATATA CGAAATTAGA TAAGCGTTCA GTAATGTATT 600
 40 CAACTATTGG GTTCGGGTTA ATGCTATACG CATTTAGTAG TGCAGGAGAT TTAGGATTTA 660
 CAAGTCCAAT AGTAATAGGT GCGTTGATAT TAAGTATGGT TATTATCTAT TTATTTATAC 720
 45 GTAGACAATT TAATATTACT AATGCACTTT TAAATTTAAG GGTTTTTAAA AATAGAACAT 780
 TTGCATTATG TACGATTAGT TCAATGATTA TAATGATGTC AATGGTTGGA CCTGCGCTGC 840
 TTATACCGCT ATATGTTCAA AACAGTTTAT CTTTATCTGC CTTGTTATCA GGACTTGTTA 900
 50 TCATGCCTGG TGCAATAATA AATGGTATTA TGTCAGTTTT TACAGGTAAA TTTTATGATA 960
 AGTATGGTCC TAGACCATTG ATTTATACTG GTTTTACAAT TTTAACAATT ACTACAATTA 1020

GAATGTTTTTC AGTTTCTTTA CTCATGATGC CGATAAATAC TACAGGAATT AATTCTTTGA 1140
 GAAATGAAGA AATCTCACAT GGCACGGCTA TTATGAACTT TGGTCGTGTA ATGGCTGGTT 1200
 5 CACTAGGCAC AGCTTTAATG GTTACATTAA TGAGTTTTGG TGCAAAAATA TTTTATCTA 1260
 CATCGCCATC GCATTTAACT GCAACTGAAA TTAAACAGCA ATCCATTGCT ATAGGGGTGG 1320
 ATATCTCATT TGCTTTTGTA GCTGTGCTTG TTATGGCAGC TTATGTGATA GCACTTTTGA 1380
 10 TAAGAGAACC TAAAGAAATA GAAAGTAATA GAAGGAAATT TTAAATAAT TATAGTAGTT 1440
 GGTCTATTTA AAATAATAGG CTAAGTCTT TTTTATTTA ATAAAAAGTT TTATACTTTT 1500
 AGTGATAGAC TAAGCAAAAA TTGTTATTTG CTATGATGTA GATGTCTTAA AATGATTAAG 1560
 15 GGGGATTTGC TTTGTTAACG GTAGATCAAG TGAAAGAATT GGTAGGAGAA ATTAAGATC 1620
 CTATTATAGA TGTGCCCTTTA AAAGAAACAG AAGGTATTGT TGAAGTTTCT ATTAAGGGAG 1680
 20 AAnAAGAACA TGTGAGTGT 1700

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 243:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

25 (A) LENGTH: 10146 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 243:

30 TGCATCAACT TTCAAACAAT AAATCATCAC AATAACCACA CCTAATTCAA CACTTTTCAA 60
 ACATAAGTAT TGACACATTG AGCAAAATGA TTTTAAATTG TAACTAATAC AGTTACAATT 120
 35 ATGAGGTGAG AAACATTGAA TTTAGAATTT AACATTGCCG TGCATGTATT AGCTTTTTTA 180
 ACTAAGCATC aTTCAGAAAA ATTCAATAGT AGTTCATTAG CAGAAaTTaC TTGTTTAAAT 240
 CCTGTTCAAT TACGACGCGT GACGACTCAA CTTGTGCGATT TAAAAATGAT TGACACAATA 300
 40 CGAGGTAAAG ATGGCGGTTA TTTAGCAAAT GATCAAAGTG CTGATGTCTC TCTAGCAACA 360
 TTATaTAAAC ATTTTGTCTT AGAGAAAGAA CACCACACAC GTCTATTTAC TGGCGACGAA 420
 45 GGCAGTCACT GTCAAATTGC TCGTAATATT GCAACTACCA TGTCACATTA TCAGCAAGAC 480
 GAACAGAATA TCATTATTAA TTTTATAAT GGAAAAACAA TCAAAGATGT CATTGAAGAC 540
 ATTCAAAAGG AGGATTTATG TCATGAAAAC ATATGATTTA ATTGTAATAG GATTTGGGAA 600
 50 AGCTGGTAAA ACTTTAGCGA AATACGCTGC ATCAACAGGT CAACACGTCG CAGTTATCGA 660
 ACAATCTCCG AAAATGTATG GAGGCACTTG TATAACATA GGATGTATAC CTTCGAAGAC 720

55

	TGTTGTCAAT GCGCTAAACA ATAAAAATTA CCACTTATTA GCAGACGATA ACAACATTGA	840
	TGTAAGGAT TTTAAAGCGC AGTTTAAATC TAATACTGAA GTGAATTTAT TAGATCAACA	900
5	TGACGATATC GTCGATAGTA TTAGTGCACC TCATATCATT ATTAATACCG GTGCTACCTC	960
	TGTCATTCTT AACATTAAAG GCCTTGATCA AGCTAAACAC GTCTTCGATT CGACAGGTTT	1020
	ATTAAACATT AGCTATCAAC CTAAGCACCT CGTTATTGTA GGTGGCGGTT ATATCGCCTT	1080
10	AGAATTTGCT TCAATGTTTG CGAATTTAGG TAGTAAGGTA ACAGTATTAG AACGTGGCGA	1140
	ATCATTATG CCACGCGAAG ATCAAGATGT CGTTGCATAT GGTATTACTG ACTTAGAAAA	1200
15	TAAAGGCATT GCATTGCATA CAAATGTTGA AACGACTGAA TTGTCATCTG ACAATCATCA	1260
	TACAACAGTC CATACCAACG TTGGTAACTT TGAGGCTGAT GCAGTACTTT TGGCTATCGG	1320
	GCGCAAACCG AATACGGATT TAGCTTTAGA AAATACTGAT ATCGAATTAG GCGACAGAGG	1380
20	CGAAATTAAG GTCAATGCTC ATCTTCAAAC AACTGTGCCG CATATTTATG CTGCAGGTGA	1440
	TGTTAAAGGC GGAATTCAT TTAGCTATAT ATCTTTAGAT GATTATCGAA TTATCAAATC	1500
	AGCGTTATAT GGTAATCAGT CACGTACGAC TGACAATAGA GGCAGCGTGC CTTATACAGT	1560
25	ATTATAGAT CCACCATTAT CACGTGTTGG ATTAAGTAGT AAAGAAGCTG CCGCTCAACA	1620
	TTATGATTAC ACTGAACATC AACTTTTAGT AAGTGCTATA CCTCGTCATA AAATTAACAA	1680
	TGATCCAAGA GGTTTATTTA AAGTAGTCAT TAATAATGAA AATAATATGA TTTTAGGTGC	1740
30	TACATTATAT GGTAAGCAAT CTGAAGAATT AATTAATATA ATTAACTTG CGATTGATCA	1800
	AAACATTCCA TATACCGTAT TACGAGATAA TATTTATACG CATCCTACGA TGGCCGAATC	1860
	ATTAAATGAT TTATTTAATT TCTAGACAAA ACATAAAAC CTGGTGGCAC GCATTGAATG	1920
35	ATGCTGCCAT CAGGCTTTAT TGTTGTGCTT TTCGCTTTTC TAATTTTCT TTAAGCTTTC	1980
	TATCTGTTC TTCTTTACGA CGTTTACGTT CTTTATGTCG TTTTCTTAAA CGCTCTTCTT	2040
	CTTCAGGATC ACGTGGTTTC TTTAATTGTT GAGAACTTT TTCGATTAAT TCTTCTTCAG	2100
40	TAAGCGCagc CAGTGGGCGG TTATTAACAA AAGTGAATGT TTTTCGGCGT CCAGGTCCAC	2160
	AATAAGATTG ACAACCTATC ACGATTTTAC CATCGGGATC TAATTTTTC AACTTCTTTT	2220
45	GTAACGTTCT TATATTGACT GCCTGACATT CATCACAAT AAGGAATGTA TTTTTCATAT	2280
	TGCTACCCAC CTTTCTTTAT CATATCTATA TCGTCGATTT CATTAATTTT TTCGTAACT	2340
	CTATCTATTT TACTCTTTTT AATATTTTTT TCAAGATACG TAACACGGCT GaCAATAAAA	2400
50	AATGGAGCAT TTATCTTCTA ATTAAATTAG ATGaTTGCTC CCCTATCAAA TCATTATTG	2460
	CCCATGATAA ATATTAAATT TTAATGGTTT AATACCATGT TTTGTCCATT CATCATAAAT	2520

55

	5	10	15	20	25	30	35	40	45	50
1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22
23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33
34	35	36	37	38	39	40	41	42	43	44
45	46	47	48	49	50	51	52	53	54	55
56	57	58	59	60	61	62	63	64	65	66
67	68	69	70	71	72	73	74	75	76	77
78	79	80	81	82	83	84	85	86	87	88
89	90	91	92	93	94	95	96	97	98	99
100	101	102	103	104	105	106	107	108	109	110
111	112	113	114	115	116	117	118	119	120	121
122	123	124	125	126	127	128	129	130	131	132
133	134	135	136	137	138	139	140	141	142	143
144	145	146	147	148	149	150	151	152	153	154
155	156	157	158	159	160	161	162	163	164	165
166	167	168	169	170	171	172	173	174	175	176
177	178	179	180	181	182	183	184	185	186	187
188	189	190	191	192	193	194	195	196	197	198
199	200	201	202	203	204	205	206	207	208	209
210	211	212	213	214	215	216	217	218	219	220
221	222	223	224	225	226	227	228	229	230	231
232	233	234	235	236	237	238	239	240	241	242
243	244	245	246	247	248	249	250	251	252	253
254	255	256	257	258	259	260	261	262	263	264
265	266	267	268	269	270	271	272	273	274	275
276	277	278	279	280	281	282	283	284	285	286
287	288	289	290	291	292	293	294	295	296	297
298	299	300	301	302	303	304	305	306	307	308
309	310	311	312	313	314	315	316	317	318	319
320	321	322	323	324	325	326	327	328	329	330
331	332	333	334	335	336	337	338	339	340	341
342	343	344	345	346	347	348	349	350	351	352
353	354	355	356	357	358	359	360	361	362	363
364	365	366	367	368	369	370	371	372	373	374
375	376	377	378	379	380	381	382	383	384	385
386	387	388	389	390	391	392	393	394	395	396
397	398	399	400	401	402	403	404	405	406	407
408	409	410	411	412	413	414	415	416	417	418
419	420	421	422	423	424	425	426			

	AAAAGTGA	CTTTCAG	TGTA	AAATTT	TTCTAATGTA	ACAGATATGC	TATTATTCAT	4440
	TGGAATGATT	AGTGCTTCAT	CTTTTTTACC	CCAATATTTT	ATAAGTGCAA	TATTCGTATG		4500
5	TGCACGTGCT	TTGCCACTTT	TAATCAACGC	ATTAACCTCC	TAAATTCTCA	ATCCAAGTAT		4560
	GTGCTGCACC	AGCTTTTTCT	ACAGCTTTTA	CAATATTTT	CGCTGTTGGT	AAATCTTTGG		4620
	CAAGCAATAA	CATACTTCCA	CCACGACCAG	CGCCAGTAAG	TTTTCCAGCA	ATCGCACCAT		4680
10	TTTCTTTACC	AATTTTCATT	AATTGTTCTA	TTTATCATG	ACTAACTGTC	AACGCCTTTA		4740
	AATCCGCATG	ACATTCATTA	AAAATATCCG	CTAAGGCTTC	AAAGTTATGA	TGTTCAATCA		4800
	CATCACTCGC	ACGTAAACT	AACTTACCGA	TATGTTTTAC	ATGTGACATG	TACTGAGGGT		4860
15	CCTCACAAG	TTTATGAACA	TCTTCTACTG	CTTGTCTTGT	TGAACCTTTC	ACACCAGTAT		4920
	CTATAACAAC	CATATAGCOG	TCTAAACTTA	ACGTTTTCAA	CGTTTCAGCA	TGACCTTTTT		4980
20	GGAACCAAAC	TGGTTTGCT	GATACAATCG	TTTGCATATC	AATACCACTT	GGTTTACCAT		5040
	GTGCAATTG	CTCTGCCCAA	TTAGCCTTTT	CAATGAGTTC	TTCTTTTCGTT	AATGATTGCC		5100
	CTAAAAATC	ATAACTTGCA	CGAACAAAAG	CAACCGCGAC	AGCTGCACTC	GATCCTAATC		5160
25	CACGTGATGG	TGGTAAATTC	GTTTGGATCG	TTACTGCTAG	CGGCTCTGTA	ATATTATTTA		5220
	ATTCTACAAA	ACGGTTCACC	AAAGACTTAA	GATGGTCAGG	CGCATCATAT	AACATACCAT		5280
	CGTAAACATC	GCTTTTAATA	GACGAATAGT	TCCCCTCTC	TAAGGCTTCT	ATTAAAACTT		5340
30	TGATTTTACC	TGCGTTAAAC	GGTACTGCAA	TAGCAGGCTC	TCCAAATGTA	ACAGCATGTT		5400
	CTCCTATTAA	AATAATCTTA	CCTGTGCGATT	CCCCATATCC	TTTTCTTGTC	ATGTCAATAT		5460
	CACCTTTTAT	ATTTATCCTA	TACTTGATTG	ATTATTTTTA	TTTATTAGTA	AAAGACATCA		5520
35	TATTCTAAGT	TGCA	ngCAT	TGCGTTAA	TTTCATTGCA	GTCTTTATCT	CACATTATTC	5580
	ATATTATGTA	TAATCTTTAT	TTTGAATTTA	TATTTGACTT	AACTTGATTA	GTATAAACT		5640
	AACTTTTCGTT	TACTTCAAAG	TTTAAATCTT	ATCGAGTGAT	ATTTGAGATT	CTTTATCTTT		5700
40	TTATAAAATA	GCCCTACAAT	TTATAATTTT	CCACCCTAAC	TATAATACTA	CAAATAATAA		5760
	TTGGAATATA	TAGATTTACT	ACTAAAGTAT	TAGAACATT	CAATAGAAGG	TGTTTTCTTT		5820
45	CATAGTCATA	CGCATTATAT	ATACCCTATT	CTCAATCTAT	TTAATACGTA	AAACATGAAA		5880
	TTTTCTTATT	AAATTTATTA	TTCCATCAT	ATCATTACTT	TTAATTTAAT	GATGTTCAAT		5940
	TTAAATATTA	GGTCAATAAC	ATATTTATGC	TTTTTATGGA	TACTTTCAA	AATAACAGCC		6000
50	CCAAACGATA	ACTTGAAAGG	GGCTGTAA	TATTTAACTA	TTGCATTTGA	TCTATCATT		6060
	TCTTGTTTCT	TTCAATCATT	TTATCAAAAT	ACGTATCGTA	TCTTTGCCAT	TCTTCTTGAG		6120
55								

	TTACATCTTG AACAGTAATC GTTTTGTAA GCAATGTCTC TAATGAGGCC ATACAAGATG	6240
	GTTCAATTC AGGATATTTA AATTTAGTCA CTTACCTTT TAAAGCATGT TCATAAAATG	6300
5	TTTGCATCAT CAATGCACGT TCTGAACCAG AGCCTTCAAC ACAAAGATAA ATTTGTACAG	6360
	CAATACCGCC TCTAACTCTT CGTTGCGATA TGCCTGCAA TTTCTTACCA TCGATACCTA	6420
	AGTCAAATTT TCCTGGGCAA TAAGAATGTT CAATTTCCAT CGTATCAATA TCAACATTCT	6480
10	CATTTTCGAA CATTTTGCTA ATTAAGAGGT ACATCACAGT AAACGCTTCA TCAATCGTTG	6540
	TTTCTGTTG TCCTTTGAAC ATCAGCGATA TATTTAATAC ACCTTGATCT AGAACGACAC	6600
	CTAAGCCACC AGAATTTCTA ACAATGGCAT TATAACCAAT CTCATTCGTT AAATAATCAA	6660
15	TGCCATCTTT TAAAAACGGC AATCTTGAAT CATGAATACC AAGAATAACA GTATGTTGAT	6720
	GAATCCAAGT ACGCACAACA TTATCTGATA TATCTTTGCC CACACTTTCG CAAAATGTAT	6780
	CATCGAATGC GAAAGATTGC ATAGGTTCTA ATCCAGAAGA ATGATCGATA TATCGCCAGT	6840
20	TGACGCCATT AAAATATTTA CTCGCTAAAT CCATCGTTAT TGTAAGGCTT GCGCTGCTGT	6900
	AATAATTGAA AGATTGTATA CATCTTCAAT TGAGCAGCCA CGTGATAAGT CATTTACTGG	6960
25	AGAATTTAAA CCTTGTAATA CTGGACCAAC TGCATCATAT CCACCTAAAC GTTGTGCAAT	7020
	TTTGTAACCA ATATTACCAG CTTCTAAACT TGGGAATACA AAGACATTTG CATCACCTTG	7080
	TAATTTAGCA CCTGGCGCTT TTTTCTCAGC AACACCTGGT ACAATCGCAG CATCAAATG	7140
30	GAATTCGCCA TCAATGATTG CTTCTAATTT TtCTTCTTCA GCTTTTTtGTT GTGCTAATTT	7200
	GACAGCTTCT TGAACCTTTG TCACGTCGTC TGATTTAGCA GACCCTTTTG TTGAAAAGCT	7260
	TAACATTGCA ACTTTTGGAT CCATGCCAAA GCTTAATGCT GATTTTGCAC TTTCTACTGC	7320
35	AATTTCTGCA AGTCCTTGTG AATCAAGTTC TGGATTGATT GCACAATCAC CAAAGATGTA	7380
	TTGTTCATCA CCTTTAATCA TAAAGAAGAT ACCTGATGTT CTTGATACAC CTGGTTTCGT	7440
	TTTGATGATT TGTAAGCTG GACGCACAGT GTCGCCTGTT GAATGTGCTG CACCACTAAC	7500
40	TAAACCATCT GCTTTACCAG CATAACAAG CATTGTACCG AAGTAGTTCA CATTGTTTAA	7560
	TAATCTTGT GCTTGTCTT CAGTCGCTTT ACCTTTACGT CGTTCAACAA ATGATTGAAC	7620
	TAATTCAGCT TTCAATTCAC TTGTCGCAGG ATTAATTAAT TCAATATTAG AAATATCAAG	7680
45	ATCAAGTTTT TCGCTAAAG ATTGAACCTT AGTCTCATCA CCTAACACGA TTGGTGTAAC	7740
	ATAATCTGTT GCTTGTAATT GTGTTGCAGC TGTTAGAACA CGTTCGTCCT CTCCTTCAGG	7800
50	TAATACGATT TTAACGTTTT TACCAGAAAG TTTGTCTTTT AATACATTTA ATAAATCAGC	7860
	CATAATGTCC TCCTGTAATA TAAATCTTAT TAATCATTCA CGGTATAATT ATACGCCATT	7920

55

	TATGATAAAA	TTTATAAAGA	ACTGATGATT	TTTGAAAAGG	AGCGATAAAC	ATGAGTCAAG	8040
	CAGCCGAAAC	ATTAGATGGT	TGGTATAGTC	TACATTTATT	TTATGCAGTT	GATTGGGCAT	8100
5	CATTACGTAT	AGTTCCAAAG	GACGAACGCG	ATGCACTTGT	CACTGAATTT	CAATCATTIT	8160
	TAGAAAATAC	AGCAACTGTA	AGATCATCAA	AATCTGGTGA	TCAAGCTATT	TATAATATAA	8220
	CTGGTCAAAA	AGCAGATTTG	TTATTATGGT	TCTTACGTCC	TGAAATGAAG	TCTTTAAATC	8280
10	ATATTGAAAA	TGAATTTAAC	AAATTGCGCA	TTGCTGACTT	CCTAATCCCT	ACATATTCAT	8340
	ATGTATCAGT	CATTGAATTG	AGCAATTATT	TAGCTGGTAA	ATCTGATGAA	GATCCTTATG	8400
	AGAACCCTCA	TATCAAAGCA	AGATTATACC	CAGAATTACC	ACATTCTGAT	TATATTTGTT	8460
15	TCTATCCAAT	GAACAAACGT	CGTAATGAAA	CTTATAACTG	GTACATGTTA	ACTATGGAAG	8520
	AACGCCAAAA	ATTAATGTAT	GACCATGCTA	TGATTGGTAG	AAAATATGCT	GGCAAAATCA	8580
20	AACAATTTAT	TACTGGTTCT	GTAGGGTTTG	ATGATTTCGA	ATGGGGCGTA	ACATTGTTCT	8640
	CAGATGACGT	ATTACAATTC	AAAAAAATTG	TATACGAAAT	GCGCTTTGAT	GAAACAACAG	8700
	CACGATACGG	TGAATTCGGT	AGTTTCTTTG	TAGGACATAT	TATTAACACA	AACGAATTCT	8760
25	ATCAATTCTT	TGCGATTTCT	TAATACATTG	GTACGTTTAT	AAATTAATAA	AAAAATTCCA	8820
	AGCTTATCGG	TTTAAGCTTG	GAATTTTTCG	TTTATCTTCA	GTATATTCCT	GTATACATAA	8880
	GACGTGATTT	GGTAAATAGT	TGAAATCTGT	ATGTTTAAAC	TTATATATAT	GTGCTAATGT	8940
30	ATTATCAATA	ACAAAGTACA	CTTTGCTCAT	AGCAAGTsac	CCGagTAGTC	TTCCTTGGGA	9000
	GAACTTTAAC	TACTATCACT	ACATATAAAC	GTAAACCTCA	ATAGAAATTA	TACAGTCGCT	9060
	ACTCTATACA	ATTTTTGTAA	TGGTTAACTA	ATATTATTTT	AACCTATTTG	AAATATTTGA	9120
35	AACATATTTT	TGTCGAATTT	TTTTCAATAA	TTTTTCCTTT	TTATACTTCA	AGAGAATTTT	9180
	AACACTAAA	AATTCCGATG	ATTATTATTA	CAATAGTATC	AAATATTAGT	TTTTTAAAT	9240
	CAATAACAAC	TTATCAAAAA	GCTCATGTGG	TTATTTTATA	GTGTATAAAC	TATAATGAGT	9300
40	ATTAAATTCT	TATAACAAT	GGTGATGAAA	TGGACATAAA	TTCAGAAGAA	TACAAACAAG	9360
	AGGTACTTAT	CAAAGACGTT	GTCTATGCTG	CTGCTCGCAT	ACTATTAGAA	TCTGGTGCAG	9420
45	AAGGTACGCG	TGTAGAAGAT	ACCATGACAC	GTATTGCAAA	AAAACCTGGT	TACAGTGAAA	9480
	GTAACAGCTT	TGTTACAAAC	ACTGTCATCC	AGTTTACGTT	ACATTCGGAA	TCGTTTCCTA	9540
	GAATATTTAG	AATTACCTCT	CGAGATACAA	ACTTAATAAA	AATTTCTCAA	GCTAATAAAA	9600
50	TTTCGCGTCA	AATTACAAAC	AATGAAATTT	CTTTAGCCGA	AGCAAAAACG	CAACTTGAAA	9660
	AAATATATGT	TGCTAAGCGT	GACAGCAGTC	TTCCCTTTAA	AGGTTTTGCT	GCAGCAATGA	9720

55

TAGCAGGTAG TCTAGGATAC CTAGTCACTG AGATTTTAGA TCGTAAGTwa CACGCACAGT 9840
 TTATCCCAGA ATTCaTTGGT TCaTTAGTTA tTGGGATTAT CGCCGTTATT GGACATACAC 9900
 5 TTATTCCAAC AGGTGACTTG GCAACTATTA TCATTGCGGC AGTCATGCCT ATTGTTCTCTG 9960
 GTGTATTAAT AACAAACGCA ATACAAGATT TATTTGGTGG ACACATGTTG ATGTTACAA 10020
 CGAAATCATT AGAAGCATTG GTTnGCGTT TGGCATCGGT GCTGGCGTTG GTAGCGTATT 10080
 10 AATTTTAGTA TAGGAGTATC AGACTATGTT TTGGATCTTA AACTTTATCT TTAGCTTTTT 10140
 AGCTTC 10146

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 244:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2022 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 244:

25 ATTTAATTGG TTGGTGGCGT ATTCTChTTT CCAAGATTTG CCACGATTGG ATGTTCAGTC 60
 GACAAATATG TAACCACTCC CGATAAATTA CGTTCCTCAA TCATTGATAG TATGTCGTGT 120
 GTTGTAAACG ATTTATCGAG TAAGGCATCA AGCAATTGAT AATGTCCCAA TACAACAAAA 180
 30 TGCACGTTGT CTCTCAACTG CTGTTGAATA AACTGAATAA AGAGCTTTAA GCTCTGTTGC 240
 ACATTGCTA ATGATGGTGC ATAGTTTTCC AAACCAACTT GTACAGCCGC TTCATTATTC 300
 CGAATGATTA AACCTGTGTA TGCCACTTTT GTTGCTGCAG TTGGATACAT TGAGTAATAA 360
 35 CGCAATAATT GATCTGTAAA ATCATTTCGA AGTGCAATAA TTTGATGCTC ATGTTGCCAA 420
 AAATTCGCT CACCCATCTG CTgCAAATCC TCATGGTTCA ATTGTTTCCA GTCCAACTTT 480
 TCAACACAC TAAATCAAC TAACTCATAA TCCGCTTTAT TAAATATTT TAAAAATGCT 540
 40 GTTCCGATT CTTTTAACGC AATTAATTGT TCTGnATTAT TCACTCGACC ACCCTTTACT 600
 TTCAATACTG TATTTAAAAT CACTTGGTAT TTTGTTGTT TGCTTTACTT CTCTACCACG 660
 CTAAAGTGTA ATATGATTAA TAACTTATCA TTTTtagCAA TACATTACAA CCTTTTCAG 720
 45 AAAATTCGGT GTATTGATTT TAAAATTTTT TAAAATAnAA AAGGCAAGAC ATTGTGCCT 780
 ATAAAAATGC TTAACCAAGA TTTTATATT GaAGTGTAC TTCTGCACA TATTGTCCTT 840
 50 GCCTTATTAT GTAAAGTTAT TTTCTTCTA TCTTTTATT AAATTTAACT ATTCTTCATA 900
 ATCCCGATT CTTTTAAAGT AACGTCTATC TTGTTTACTA TATACATTTT CAGGATTAA 960

TTGGTAAACG TTCGTTGCTG ATATATCTGT AAAATTGTTT GGACCGACAC CTGCAATAAA 1080
 CTTAAACTCT GCTTCATCTA CCAAATAATC ATACGCTTGT GTATGTCTAT CCTGTGCGCC 1140
 5 ATGTGGAAAT ACAAACATAT CTGTTTACC TACAATTGGT TCAACTTCAT CTTTCCATCT 1200
 TTTAGTATCA CGTTTAATAC CTTCTAAAGA TGTTTTTTCA AAATTAATGT GACCATATGA 1260
 ATGACTCGCA AATGACCATC CATCCCGTTT CATTGCGCGA ACAACTTCCT CAGCTGCCTT 1320
 10 TTTATTCTTT GTATAATCTT TACTCGTTAA TTCATTCTGT CGATAACCTA ATACGCCCTC 1380
 ATAACCGGTT AAAGCAACAA CACCTTTTTT ACCATTTAAA GAAAAATCTG GATGCTCTTT 1440
 TACAAATTTA TTTAAAATTG GCACGATATC ATTGTCATCA GAATAAGTAG CATGGCCTTT 1500
 15 TTTGTCTGTA GTTTCAGAAA CAACATGTTT ATTTTATCG AGTACTAAAC GGTGAGCATA 1560
 ACCATGGTGT CTCATGTAAC TATAGTAATT CATATCATCA ATTGAGATGA TTAGTGGCTT 1620
 20 TTTACCTTTC GGCAATTTTA TTTTTTGGC TTTTACATGA TGAGATGATA AGTCGTATAC 1680
 ATCATGTGGA TTAACGATGA TGTAAATTATT TTTATATAAT TCGTTCAATG ATTTTTTAAA 1740
 TTCATTACA GTAATCATCC AATCATTGTT GCCCTTAGCT TGGTGTGTAT CTCCTGTAAA 1800
 25 CGCAACTTTT GGGTCTGTAA TTAATGGGTG ATAAACACA TGATAAACTT GGCCGTGATA 1860
 TGTTCCTCAA TGTTTCATCA TTTTCGATTT ATGCTTTGCA TACTCATTTG GATTAACAGA 1920
 TTTATTkTGA GCTTCTCAT TTTGCTTGA ACAGCTATAT mACAATGCAA CTGATAATAA 1980
 30 CAGAAAAAAT AGCAATAAAT ATTTTATATG CATTAAACAT TC 2022

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 245:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

35 (A) LENGTH: 1340 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 245:

ATAGAGTGAT AAAGGATGGT TGTCATATGA TAAATGCAGT AGTAATAGCA GTAATTTTAA 60
 45 TGATTGTGCT ATGTTTATGT CGATTAAACG TnTTATTAAG CTTATTATC AGTGCGCTAG 120
 TTGGTGGCTT AATTTGAGG ATGAGCATTG AAAAAGTTAT AAATGTATTT GGGAAAAATA 180
 TAGTCGATGG TGCTGAGGTA GCATTAAGCT ATGCTTTATT AGGTGGATTT GCAGCATTAA 240
 50 TTTCATACAG TGGTATCACA GACTATTTAG TAGGAAAAAT TATAAATGCA ATTCACGCTG 300
 AAAATAGTCG ATGGTCAAGA GTTAAAGTCA AAGTGACAAT AATCATTGCA TTATTAGCTA 360

55

CACCATTGTT AAGTCTGTTT AATGACTTAA AAATAGATAG ACGTTTAAATC GGTTTGATTA 480
 TCGGTTTGGG TTTATGTTTC CCGTATGTGT TATTACCATA TGGATTCCGT CAAATTTTCC 540
 5 AGCAAATTAT TCAAAGTGGC TTTGCAAAGG CAAATCACCC AATTGAGTTT AATATGATTT 600
 GGAAAGCAAT GCTTATTCCT TCAATGGGGT ATATTGTTGG CTTACTTATC GGTTTATATG 660
 TATATCGTAA ACCACGTGAA TATGAAACAC GTAAAATTTT AGATAGTGAC AATGTTACAG 720
 10 AGTTAAAACC ATATATCTTA ATAGTAACAA TTGTAGCAAT ACTAGCTACA TTTTGTAGTAC 780
 AAACATTTAC AGATTCAATG ATTTTGGTG CACTGGCAGG GGTACTCGTA TTCTTTATTT 840
 CACGTGCATA TAATTGGTAT GAATTAGATG CTAAGTTTGT TGAAGGTATT AAAATTATGG 900
 15 CTTATATTGG TGAGTTTATT TTAACAGCAA ATGGATTTGC TGGTGTAATG AATGCTACTG 960
 GTGATATAGA TGAATTAGTT AAAACTTTAA CAAGTATTAC TGGTGATAAT AAATTATTTA 1020
 GCATTATCAT GATGTATGTG ATAGGTTTAA TTGTCACTTT AGGTATTGGA TCATCATTTG 1080
 20 CAACAATTCC TATTATCGCA TCATTATTCA TTCCTTTTGG AGCGTCAATT GGAAGTACATA 1140
 CAATGGCATT AATCGCATTG ATTGGAACAG CGAGTGCAAT AGGTGACTCA GGTTCGCCTG 1200
 25 CAAGTGATTG AACATTAGGA CCAACTGCGG GATTAAATGT TGATGGCCAT CATGATCATA 1260
 TACGTGATAC ATGTGTACCA AACTTCTTGT TTTATAATAT TCCTTTAAAT GATTTTCGGT 1320
 ACTATTGCTG CTATGGTACT 1340

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 246:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3365 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 246:

CAAAATCTAA GAGAATAAaA TTTGTTAATT TnAAATAGCA AGCAATTCAA AGTTATATGT 60
 GTAATAGATA AAATAGATAT CCCTATAGTG ATGCGTTACT AGCTAAACAT AATAACACAT 120
 TAGAAGATAA TGAAGTTAAG GAGTTACTGG ATTGTTTCGA CTATGTAATT AAGTATAAAA 180
 45 ATATCCAACG ACAAACGTA ATTATAAAAT GGTAAAAGCT ATGGTACAGT TTCAAATTGC 240
 TAATGACATG CGTATCGGTG AGCTACTTGC AATAAAGAGA GTAAATATAA ACTATGAAGA 300
 TAAAACGCTA GATATCGACG GTAAAGTTAA TTGGATAACT GAAAAAGAC GGGAGCATTC 360
 50 GGAGTAAAGG AGACAACTGA AAGAAGTAAT AGCTATAAGG CCACAGGGCT CACTACCCAA 420

TATTCACAAA TACGTCTGGT AGCCCTATCG ACTCGAACAA AATTAGCCAC ATTATTAAAG 540
 GGGGGCGCTG ATATTAGTTC TATTAAGAAA CCTATAACGA CGCATACATT ACATCATTCTG 600
 5 CATATATCTA CACTTGCTCA ATTAGGAATT AACTTAAAAG CAATGCAAGA GCATGTAGGT 660
 CATTGAGATT ATAAAArAAA TCTAGAGATA TACACACATG TTTACTAATCA GATGGCGAAA 720
 GATATGATGA ATAAATTTGA ACGATTGGGG AGTTAAAATT GGAAAAAGAT GaTACACTAG 780
 10 CAGAAATTAA GCCTATGCTC AATTTTGATG AGCAAATAGC AAAATTAAAA CAGATGAATA 840
 TATTTTTTAA TATTATTGAC ACCGAAAAAG CAAATGAAAT TCTTAGAAAA AATAATTACT 900
 TCTTCAAACT wGcTTATTTT CGaAAAAAATT TCGrAAAAAA GaATGGCGGC TATTTTCATAG 960
 15 AATTTGCTTA TTTATCAGAT TTAGCAACTA TAGATATGaA ATTAAGATAC ACAATGTTGC 1020
 ATTTAACTTT AGATATTGAA CATAGTTTAA AGTATCTAGT CTTAAAACTA ATAACAGAAA 1080
 20 ATAACCAAGA AGATGGTTAT AAAATAATAG ATGAGTTCTT ATGTATTGaT AAATCATATA 1140
 GCAATTCAAA TTTTGACACA AATTCAAGAA CACCAGAAGA AGTTATGGAA ACCAAAATCA 1200
 AAAATAAAAA CGAAATATTC AAGCATATGA ATAAACGAGG ACAACTACCC GAGAAGTTGa 1260
 25 ATAAATACTA TcMAAATCCA CCCGcnnGGk TTTGCaTTGr ATTCATGCAA CTAGGTCAAT 1320
 TCGTTTCGTT TCTCAACTTC TATTACAAGA AGTACAATGA CGAAGAATTG AGAGTTGCTA 1380
 ATATTTTAAT GCCTTTAGTT AAAAATATAA GAAaCAAATC AGCTCATAAC CAACCCATCA 1440
 30 TAGCAAATCT AAATTATGAC AGTAGATTAC CTCAATATTT ATTTGAAAAA GGAATAATA 1500
 TAGGCATATC TAGAAACATG TTCGGAATAA AAAATTTTCAT AGATACTkTC kstACGCTAG 1560
 AATTACATAA TCAAGTTTGT AGTAATGCAA TTATCCAAGC AAGATATCAC GATTTGGACC 1620
 35 AACTTCAAAA GCGATATAAA AGrAACGrAA GCTATTATAA TAATGCATTA GCTATCAAAA 1680
 GATTFTTTAT AGCTTTAGAT AAAATTATTG ACTTCAACAG ACCAAAAGTA TAACTATCT 1740
 AGTGAGGAAA GAGACTTATA GGTCTCGCGA GTTATTTTAA TTCGTATGCA AGAAAAAGAA 1800
 40 GAGCTATGCA TTTTATTTAA AATGCGTAGT TCTTtTTTTA TGCATCTAAA TTCATATTAT 1860
 TTTTGCAATA TAAACATATC TTTGTGCAAA TTCCGAACAC AAAACATTCA CATCATCCTT 1920
 TTTtGCCCTT TTTCTATACC CCAAAACACA AAAAGCCCCG TAAGCCTATG CcTACGGGgT 1980
 45 TTGACAATAA ATTATATATT ATTGTTCTTC TTTAACATAT GGTAATAATG CCATATGACG 2040
 AGAACGTTTG ATAGCTGTAG TCAaCATACG TTGATATTTA GCTGAAGTAC CAGTTACACG 2100
 50 ACGTGGTAAA ATTTTACCGC GTTCTGAGAT AAAACGTTTT AATAATTCAG TGTCTTTGTA 2160
 GTCGATATGT GTAATACCAT TTGCTGTGAA ATAGCATACT TTTTACGAC GACGTCCGCC 2220

55

CGTTAATTTT TATTAGAATG GTAAGTCATC ATCACTTATA TCAATCGGTC CGTTTGCAAT 2340
 TGCAAATGGA TTATCAGATT GTTTCGTGTT TGATGAATTA TTGTACGAAT TGTTTTGTCC 2400
 5 TGATTGTTGA CCACCGAATC CTTGACCGTA ATCTTGGAAT TCATTTTGTT GACGTTGGCC 2460
 ACCATTTTGT TGCGCATTTT TAGGTTCAAG GAATTGAACG CTATCACACA CAACTTCAGT 2520
 AACAAACACA CGACGACCTT CTTGATTTTC ATAATTACGG GATTGTAAGC GACCATCTAC 2580
 10 ACCAGCTAAA CTACCTTTAG ATAAATAGTT ATTTACATTA TCTGCTTGTC TTCTAAAAAC 2640
 AACACAGTTA ATAAAATctG ctTCGCGCTC CCCTTGAGCA TTCGTGAACG TACGATTTAC 2700
 TGCAAGAGTG AATGtCGCTA CACTCACACC TGAGGGAGTG GTTCTGTATT CCGGATCTTT 2760
 15 CGTTAAACGA CCTACTAATA CAACTCTATT TAGCATTTAA ACGCCCCCTC TAATTATTAC 2820
 TTGTCTTCGT CTTACGAAT AACCATGTAA CGAATGATAT CGTCACTGAT TTTAGCTAGA 2880
 CGTTGGAATT CGTCAGTAGC TTTGTTGTTA TCAGATTTAA CACGTACGAT GTTGTAGAAG 2940
 20 CCATCTTTGA AATCATTGAT TTCATAAGCT AGGCGACGTT TACCCAGTC TTTTGCTTCT 3000
 AAAACTTCTG CACCTTCAGT AGCTAAGATA CCGTTGAAAC GTTCAACTAA CGCTTTTTTA 3060
 25 GCATCTTCCT CAATGTTTGG GCGTACGATG TACATAACTT CATATGTTCT CATTTTATAT 3120
 TTGCACCTCC TTGTGGTCTA TACGGCTTAT CAATCTTAAA ACAGATAAGC AAGGaATAAT 3180
 TTTCACTACT CACAATAAAG AATTaTATCA TGCGCCATTA CTTTTTACAA TaATAATTca 3240
 30 AACTACTCTT CATATCATTT TTGATATtAA TTCATTGaa ACTTTChATG ATATTTTnAA 3300
 AAATACACTT CACAAAAGCG AACATATGtn CTATAAnAGT TGTGAGGTGG TAAGGAATGA 3360
 ATTTA 3365

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 247:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1032 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 247:

GTTAAAAGTA ATTGGTGGTA TTGATGATGA TTTTACAGCC AATGTTATGC ATCCAAATCA 60
 ATATCGAATT CGATATTCGT CTCAGAAACA GGACCTTAAT GAAGATATGA CAGTTTTTGA 120
 50 TGCAGTATTA AGTTCTGATA CAACAACTTT ACGCATCATC AAGCAATATG AGCAGGCAGT 180
 ACAAGCTTAT GCGGATGACC AAAGTGATAA ATTGTTCAAG CGAATGATGG ATGCGCAAGA 240

ACTAGGTATA CATGATACTA CTAAATACAT TAAAGAATTA TCCGGCGGAC AACAAAAACG 360
 TGTGTACTT GCTAAAACAT TAATAGAACA ACCAGATTTA TTGTTATTAG ATGAACCTAC 420
 5 GAACCATTTA GACTTCGAAT CAATCAGCTG GTTGATCAAT TATGTGAAGC AATATCCTCA 480
 TACTGTTTTA TTCGTAACCC ATGATCGATA TTTTTTAAAT GAAGTTTCCA CTAGAATTAT 540
 TGAACTAAAC AGAGGTAAGT TAGCGTCATA TCCTGGTAAC TATGAATCCT ATATTGAAAT 600
 10 GCGCGCTGAA AGAGAAGTAA CACTTCAAAA GCAACAACAA AAGCAACGAG CTTTATATAA 660
 GGAAGAAGCTT GCTTGGATGA GGGCTGGGAG CTAAAGGCTCG TACTACAAAG CAACAAGCTA 720
 GAATTAATCG ATTTAATGAC CTAGAAATG AAGTTaACCA GCAATATAAA GACGATAAAG 780
 15 GTGAATTGAA TCTTGCTTAT TCaAGATTAG GTAAGCAAGT GTTCGAATTA GAAGACTTAT 840
 CAAAGGCTAT TAATGATAAA GTATTATTTG AACATCTGAC GGAAATTATT CAAAaGGTG 900
 20 AGCGTATTGG TGTGTGTTGG CCAATGGAG CTGGTAAAC AACACTCTTA AATATTTTGA 960
 GTGGAGAAGA CCAACAATTC GAAGGTAAAT TGAAGACTGG GCAGACGGTT AAAGTAGCTT 1020
 ATTTTAAGCA AA 1032

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 248:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 852 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 30 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 248:

35 TGTGATTAAC GAAGCTTATT TTCGTACACC TTCAACAAC GATTACAACG GCGTTTATCA 60
 AGGTATTAT ATTGATTTTG AAGCAAAGGA AACTAAAAAC AAGACGTCCT TTCCTTTAAA 120
 TAATATTCAT GACCATCAAG TCGAACATAT GAAAAATGCA TATCAACAAA AAGGTATTGT 180
 40 GTTTTAAATG ATTCGTTTTA AAACGCTAGA TGAAGTTTAT CTTTACCCT ATTCAAAATT 240
 CGAAGTATTT TGGAAGAGAT ATAAAGATAA TATTAAAAAG TCTATAACAG TTGATGAAAT 300
 45 ACGAAAAAAT GGTACCATA TTCCTTATCA GTATCAACCA AGATTAGACT ATCTAAAAGC 360
 AGTTGATAAG TTGATATTAG ATGAAAGTGA GGACCGCGTA TGACGGAAAA CAAAGGATCT 420
 TCTCAGCCTA AGAAAAACGG TAATAATGGT GGGAAATCCA ACTCAAAAAA GAATAGAAAT 480
 50 GTGAAGAGAA CGATTATTAA GATTATTGGC TTCATGATTA TTGCATTTT CGTTGTTCTT 540
 TTACTAGGTA TCTTATTGTT TGCTTATTAT GCTTGAAAG CACCTGCTTT TACCGAAGCT 600

TTAGATAATG GCCAAAGACA TGAGCATGTA AATTTAAAAG ACGTGCCGAA ATCAATGAAA 720
 GACGCAGTAC TTGCAACTGA AGACAATCGT TTCTACGAAC ATGGCGCACT TGATTATAAA 780
 5 CGTTTATTCG GTGCAATTGG TAAGAACTTG ACTGGTGGAT TTGGkTCtGA AGGtGCCTCA 840
 ACATTAACAC AA 852

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 249:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 5804 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 15 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 249:

CACTTTTTTC ATTAAAAATC TCATATTTAT ACACTGAACG TAATCTCGAA TATTTTTCAA 60
 CCCAAGTTTT AACTTTAACT TTTTCTGGAT AAAAAATAGA CTTTTTATAA TTGACATTGA 120
 GGTCAGTCAC AGGTGAAATG ATTCCTTGTT TTTCCATATC AGCATAACTA AAACCTAACT 180
 25 TCGATATATA ATCCAACCGC GCAACTTCAA ACCAAGTTGC ATAATCCCCG TGATAAATTA 240
 CACCCATCTT ATCAGTTTCA GCATAACGCG CTTCTATTTC TGTAATACTA TATATCATTT 300
 TAAGCCTTCT TTCAGTTTAA CTTTATATCT CATTCTAACA TAAAATACAA GAAGAGGCCG 360
 30 GCCAAGAACA CAAAGGkTTT GAACCGACCT ATTATATCAT AAaGTTTATA GAAGTATTTT 420
 TGAGCACTAT CAAAGTGCCT CAAATACCGA TTAAAATTTT ACTGTGATAT CTATTTTTTA 480
 TTGCGCTAAT TTATTTCTTA AAACCATTTG TAAAATTCCA CCGTGACGAT AGTAATCCAT 540
 35 TTCAACAAGT GAGTCAAAAC GAACCATAGC GTCAAATTCT ACCAAATCAC CATCTTGCTT 600
 CTTAGCAGTA ACTTTGACGT AGtCATGTGG TTGAACATT TCATCAATAT TAACAGrAAT 660
 TTCTTCTGTA CCATCTAGAC CAAGAGAATC AGCTGATTCA CCTTTTTTAA ACTCTAATGG 720
 40 TAATACACCC ATCATAACTA AATTTGAACG ATGGATACGT TCATAACTTT GTGCAATAAC 780
 TGTTTTAACA CCTAATAAGT TTGTACCTTT TGCTGCCCAG TCACGAGATG AACCCTAACC 840
 45 ATAATCGTTA CCAGCTAATA CAACTAAACC TGTACCATCT TCTTTATATT TCATTGCAGC 900
 ATCAAAGATA GGCATTACTT CATTTGTTGG CCAATAAGTT GTAAAACCAC CTTCACTACC 960
 TGCGCTAAT TGGTTTTTAA TACGTATATT AGCAAACGTA CCTCGAACCA TTACTTCGTG 1020
 50 ATTACCACGT CTTGAACCAT ATGAATTAAA TTCACGAATA GGCACCTGAT GATCTTGTA 1080
 ATATTTACCA GCTGGCGTAT CTTTACCAAT TGCACCTGCT GGAGAGATGT GGTCACTTGT 1140

	TTCTTTAGAT AATCCTTGGG AGAATGATGG ATTTTGAATG TATGTTGAAT TAGGATCAAA	1260
	GTCATATAGA GGTTGATCAG TTACATCAAT CTCATTCCAT AATTCGTTGT TATTGTATAC	1320
5	GTTATTATAT TCTTCAATAA ATAATTCAGG TGTTACAACA CTATCAACGG TATCTGAAAC	1380
	TTCTTTAATT GATGGCCAAA TATCTTTCAA ATATACATCT TCACCGTCAT TACCTTTACC	1440
	AATAGGTTCA TTTTGTAAT CAATATCAAC CGTTCCAGCT AATGCATAAG CAACAACATA	1500
10	CTGTGGTGAA GCTAGGTAAT TGGCTTTAAC AAGAGGATGG ATACGACCTT CAAAGTTACG	1560
	GTTACCAGAT AATACAGATG TCACTAATAG GTCCTCATCA GCAATCGCTT TTTCAATTTT	1620
	TGGTAATAAA GGACCTGAAT TACCGATACA AGTTGTACAT CCATAACCAA CCAAGTTGAA	1680
15	GCCTAAATCA TCTAAATAAG GTTGTAGGCC AGCATCTCTT AAATATCCGG TAACAACCTT	1740
	TGATCCTGGT GCTAGAGAAG TTTTAACGTA TTCAGGAACT TTCAAGCCTT TTTCAACTGC	1800
	TTTTTTAGCA ACTAAACCTG CACCTAACAT TACATAAGGG TTAGATGTAT TTGTACATGA	1860
20	TGTAATTGCT GCTATTGCAA TATCACCTGT TTTTATTGTA GCTTTTGATC CATCTTTAAA	1920
	GTTAATTTCA GCTTTCTTAT CAAATTCACCT TTTATCTAAA CCGTGTCTT GGTGCTGCTG	1980
25	TGGAGCTGTT ACAGAAATTT CAAATGATGA TTTTATATCA CTAAAGAAAA TTAAATCTTG	2040
	AGGACGTTTT GGTCTGAAA GCGATGCTTC AACTGTTGAT AAATCCAATT CGATAACATC	2100
	TGTATAATTA GGATCTTCTT TCTCAACATC AAAGAACATA TGGTTTGTG TCAAATATTC	2160
30	TTTTACTAGC GCGATATGTT CGTCTGATCT ACCAGTTAAC TTCATATATT TAAGAGATTC	2220
	ATCATCAACT GGGAGAATC CGCAAGTTGC TCCATACTCT GGTGCCATGT TTGCAATTGT	2280
	AGCACGGTCT GCTAGTGGTA AATGTTGTAC ACCTGGACCA AAGAATCCA CAAATTTACC	2340
35	AACAACACCT TTTTACGTA GCTCTTGAGT TACTCTTAAC GCTAAATCAG TTGCTGTTGC	2400
	GCCTTGTGGT AATGAATTTA CTAGTCGTAC ACCAATAACC TCTGGAATTG GGAAATAAGA	2460
	AGGTGTCCA AGCATTCCAG CTTAGCTTC AATACCACCA ACACCCATC CTAGTACGCC	2520
40	AATACCATTT ATCATTGTTG TATGTGAATC AGTACCAACT AATGTATCTG GAAATGCAGT	2580
	TTTTTCACCA TCTACATCAC GAACATGTAC AACACTTGCT AAATATTCTA AGTTAACTTG	2640
	GTGAACTATT CCAGTTGCAG GAGGAACTGC ATTGTAATTA TCAAATGCTT TCGTTGCCCA	2700
	ATTTAAAAAC TGATAACGTT CATAGTTACG TTCAAATCTT AATTTTATAT TACGTTCAAG	2760
	AGCTTCTGGA TTTGCATAGC TATCCACTTG AACTGAGTGG TCAATAACTA AATCCACCGG	2820
50	TACTTCTGGA TTAATTTTAG TAATATCTCC CCCAACGTCA TCCATTGCTT TACGTAAAGA	2880
	AGCTAAATCA ACTACGGCTG GTACACCTGT GAAATCTTGT AAATAACAC GAGAAGGTTT	2940

55

	GTCTGTAATT ACAAAATCAT CTTCTTGACG AAGTAAAGAT TCTAACAAAA CACGAATTGA	3060
	ATAAGGTAAA TTGGAAACTT TAGTAATACC TTGCTCTTCT ACAGCTTTTA AATCATAGTA	3120
5	AGTATAACTT TGGCCATTCA AGTCAAAATG TTTTTTTGAT TGCTCTTTAA AATTTGCAGC	3180
	CATTTAATGA TCCCCCTTGA TACATTTTTA TATTTATATG CCTTGATTAA ATTGTATTAT	3240
	TATATTTATT GATAACAAC TCATCATGCT TAGAAAACGC TTAATTTAGG TTTTGACTTT	3300
10	TTAATCAGAG TATATAAGCA AAACCTATCA TACAGGTAAG GTGTAATAAG TATTTTTTAT	3360
	TAATTGAGAA TAATTATCAA TTTCGCGAAT GATTCAATTC AATTTTTTAA CGTATTATTT	3420
	CATTGAGCAG AAAGAAAATT ATGGCACCAA ACTTTAATAT TTTTTTCAAT GTCATTCTTT	3480
15	TGATGGGAGT GGGACAGAAA TGATATTTTC GCAAAATTTA TTTCGTCGTC CCACCCCAAC	3540
	TTGCATTGTC TGTAGAAATT GGAATCCAA TTCTCTTTG TTGGGGCCCA TCCCAACTT	3600
20	GCACATTATT GTAAGCTGAC TTTCGTCAG CTCTGTGTT GGGGCCCTCA CCCCAACTCG	3660
	CATTGCCTGT AGAATTTCTT TTCGAAATTC TCTGTGTTGG GGCCCTGAC TAGAATTGAA	3720
	AAAAGCTTGT TACAAGCGCA TTTCGTTCA GTCAACTACT GCCAATATAA CTTCGTAGAG	3780
25	CATAGAATAT TGATTTATGT CCCAGCCTGA GTTAATTTTC TATAAAAGTA TATTTAATTT	3840
	GCGTTTATAC CGTCAAACCT CACTTAGCT TTGTCAAACC CCTTCTATT AAGTTTTCAG	3900
	AAATAACCT ATCTTAAAT ATAAAAAAT CGAGAATTCG TAGTTTAATA ACGAAATTCT	3960
30	CGTTCTTATC CTTTGAATA TACTCAATTT TCCACAAAA CAAACAAGTA GTATATCTGT	4020
	TCTAGCTACT AGAATGACAT ACTACTTGT ATTAAAATAC TTAACTAAAC TTTATTAGTT	4080
	ATCTTTTTTC TCTATATTT TACGTGACTG ACGCTTTTCA AGAATGTCAG ATTCATAATC	4140
35	TTCTTGTTGA CTCTTGATAT ATTCTTGTA GCGATGTTTA TTCGGAGTCA ATGTTAAACC	4200
	TAGGAATTTA CGTTCCTGGT TCGCATCCTT GTAGAACTT ACCATCATGA GTATGACGAC	4260
	AAAGGAGAAT GGAATGCAC TTATAATTGC AGCACTTTGA ATCGCATTTA AAGCTTCAGC	4320
40	GCCGTTACCG CCACCAGCTA ATAAAAGTAC AAATGCTATT AAGGCCTGTG AAATTCCCCA	4380
	AACAACTTTT ACCATACTAG ATGGATTTAA TGAACCAAAT GTTGTGTTGCA TTCCTAATAC	4440
45	AAATGTTGCT GAGTCAGCAG ATGTAATAAA GAATGATGCA ATTAATAATA ATGCAATCAA	4500
	CGATAAAACA ATGCCAAATG GCACATGATT AAACACTCCA AATAGCTGTG TTTCAGGAGT	4560
	CATATCAAAA ATTTCTTTGT GTTCTTACC TGTCTGATG CCTAATACAC CAAAGACACT	4620
50	AAACCAAACA AAATAACAA TTGCTGGAAC TAGCAAGACA CCAGAAATGA ACTCTCTAAT	4680
	TGAACGTCCT TTTGAAACTC GTGCAATAAA CACTCCAACG AATGGACTCC AACTTAACCA	4740

55

5 TGCTGTATCA AAACATATTA ACAAGAATGT GTTTAGTAAA CTACCCGTAG AGCTAGTTAA 4860
 CATATTTAAA ATAAGAACAG TTGGTCCAAC AATTAAAGCA GCTACCATTAA AAATAGTACC 4920
 TAAACCAATG TTCAAGTTAC TTAAGTATTG AATACCTTTA CTTAATCCAG ACCATGCACT 4980
 TGCTATAAAT AAGATAGTAA CAACAATGAT GATAATCGCT TGTACAAACG TATTGTTTGG 5040
 AACATTGAAC AAGTAATGTA AACCACCATT AATTTGTAGA GCACCCATAC CTAACGAAAC 5100
 10 GGCTACCCCA ACGATTGTCG CAAATACAGA TAAAACGTCA ATAAAAATCC CAATAGGACC 5160
 TTCTACTTTA TCACCTAAAA GAGGACGTAA AGTTCTAGAT AATAAACCTG GTTCACCTTT 5220
 ACGGAATTGC GAATATGCCA ACGTAACGCA ACAACACCAT AAACAGCCCA AGCATGGAAT 5280
 15 CCCCATGGA AAAATGTTGA ACGTAGAGCT TCAGTATAAG CTTCAGTAGT TTTGGGATCT 5340
 GCTGTAGGTG GCGTAGCAAA GTGCGCCATC GGTTCAGCTG CACCATAAAA CACCAAACCT 5400
 ATCCCCATAC CAGCACTAAA CAACATAGCA AACCATGAAA TTGTATTAAA CTCAGGTTTG 5460
 20 TCATTTGGTT TACCTAGTTT AAGTTTCCA ATAGGACTAA AAATAAGGAA TATACAGAAG 5520
 AACACGATAA TCGTAGTAAG AATAAGATAA TACCAACCTA ACTTTTCTGT AATCCACATT 5580
 25 TTAATATTAT TGGTAACATA GTTGAATTGT TCAGGTAAAA ATGCACCAAG TAATACGACT 5640
 ATAGCAACAA CAATTGCACT ATAGATGAAG ACTGGTGAAT ACTTCTTTCC ATTTGGATTG 5700
 TCTGGTGAAG AAGAATTCAT AATTAATTAC TCCCTTCAAT TCTATATTTA ATTTTATGTA 5760
 30 GTAGAATAAA AATATTATCT AAACATTTTA TTCAATAACT CACG 5804

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 250:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 35 (A) LENGTH: 400 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 250:

40 ACCCGCGAAT ATGGTCCATC CTATCGATTT ATTTTAACT GGTGACAA TATTTAATTT 60
 TTCATAATCA TTCTTAGTGA TTTTGACATA TGTTCGGT ATGAGCCAGT TAATAAATGG 120
 45 AAAGAAGAAG ACAATCCAAT TACTTGCCAA ATCAATCATT AAATATTCAC TATCGTATTT 180
 GATTATTCGA TATTTAGGGT TTTTATTAAT AACTTTAGAT TCGCAAAGCA ATGTCTCCAC 240
 50 ATCCCTTTAA TTTTATGTGT AATACATTTT TCGATACTTC AAAAGACATT CAAATACTAT 300
 CAAGTTACTG TCATCAAAGG TTTTATTAAC TGATATTCTC ATATTTTAA TCTGAATTTA 360

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 251:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 964 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 251:

```

CCAGGGTGCG GAAAGCTTTA AAATTTGGAC TAATAAGAT GCTGATATTA ATTCTATGAA      60
AACAGCAGTT TTACAACAAT TAAAGGAGA ATAACATATG CTTACTGGCA AACAAAAAAG      120
ATACTTAAGA AGTTTAGCAC ACAATATTGA TCCGATTTTT CAAATTGGAA AAGGCGGTAT      180
CAACGAAAAT ATGATTAAAC AAATAGATGA TACGTTAGAA AACAGAGAAT TGATTAAAGT      240
ACATGTACTA CAAATAACT TTGATGATA AAAAGAATTA GCTGAAACAT TAAGCGAAGC      300
TACTCATAGT GAATTAGTGC AAGTGATTGG ATCTATGATA GTGATTTATA GAGAATCTAA      360
AGATAATAAA GAAATTGAAT TGCCATAATA ATGAAAAGA TAACTTTTA CGGCGGTCAG      420
TTTAACCCTA TCCATACTGC ACATATGATA GTAGCTAGCG AAGTATTTCA TGAATTACAG      480
CCAGATGAAT TTTATTTTTT ACCTAGTTTT ATGTCTCCAT TGAAAAAGCA CCATGATTTT      540
ATAGACGTTT AGCACAGATT AACAATGATA CAGATGATTA TCGACGAGCT TGGTTTGGGA      600
GATATTTGTG ACGATGAAAT TAAACGTGGT GGTCAAAGTT ATACCTATGA CACGATCAAG      660
GCATTCAAGG AGCAACACAA AGACAGTGAG TTGTACTTTG TTATTGGGAC GGATCAGTAT      720
AACCAACTAG AGAAATGGTA TCAAATTGAA TACTTAAAAG AAATGGTTAC TTTTGTAGTT      780
GTAAATCGAG AAAAAATAG TCAAATGTT GAAATGCTA TGATTGCAAT TCAGATACCT      840
AGGOTAGATA TAAGTTCGAC AATGATTCGA CAAAGAGTTA GTGAAGGGAA ATCTATCCAA      900
GTTCTTGTTT CTAAATCCGT TGAAAACAT ATTAAGGGGG AAGGATTATA TGAACATTGA      960
AAAA

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 252:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1193 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 252:

TTGTCATGAA ATAAATGGGA TGAATATCAC GACTAGAAGT AATGTTACGA ACAGGAGCGT 120
 ATAAACTAGA GACGCTAAAT TCGACATAGT ATGTnGCTCA ATTATGGCTG ATGATGAATT 180
 5 TAAAGTATGT GCGTTGGAAC TGTCGGATTT TTGTTTATAA TGTTTTGCAT ATTGCGCCAT 240
 GATGAATAGT GTAAAAATAA ATAAACAAT AAGAGATATA ATGCCCATAA TCAAAAGTAT 300
 TTGTTTAGAG CCTTTCATTA TTTACATCC TTTCTAAAT ATATTTGTAA CTAAATTAA 360
 10 AATAGTTATT TTTGTAATTC TAAACCTTTT TCATCGCGAA AACAATTAA TAGGTCGCGG 420
 TATTAATTAT TATATTATTA CCGCTTAATA TGAAAAATAC ATGAAATTA ATTTTCTAAT 480
 ATACTTTTGA AAAATTATTA CAAATTAGCC CCTTCAAAC GCGAAACAT AAGGATTCTA 540
 15 GTTTCAAAAG GGCTGATAAG CATAAATGA AATGTAATAT TTCGATGTAT AAAATTTTAA 600
 ATTAGCTAAA AATCATCGCA TTAATTTTTT GAGCTACATC ATCAAAATTC GGACATTTTA 660
 20 ACGACACATA TAATTTAATT TTAGGTTTCA TACCAGAAGG ACGTAAAGCG ATAAATCCTT 720
 CGTCAAATAA GACACGAATA ACATTTGATT TAGGAGAATT AATCTGCGAC GTTGTATCTT 780
 TATCCAAATG ATAAACCTCG CTAGTTAAAT AATCTTCAAT TGCTTTCACT TTGAGTCCTT 840
 25 GAATCTCTTG CGGTGGATTT GAACGGAATT TGGTCATTAT TGCATTAAAT TTCTTTTCC 900
 CTTCAAATCC TTCTAGCGTA TGCGgAATAA TGTATCCTCA TGTCTACCAA CAGTTTGATA 960
 AATCTGTTCT AATTCATCTT TCAATGTTTT GCCATATAAT TTAACTCAG AAGCGTATTT 1020
 30 TATAATGAGT GGCACAATTT GTACGGCATC TTTATCACGT ACAAAGGCT CTGATAGAAA 1080
 ACCGTAATC TCTTCAAATG CGAAATCAT ATTTGATGAT CATCCAGTTG TCTTATTTCC 1140
 TGAGCAATAA ATTTAAGCCC GTCAGCACCT CTTTGGTATT CAACATTATT ATA 1193

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 253:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1098 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 253:

TATCAGGATG ATTATGnCGG GGTTTTATTA AGTCTGAGCG TATATnCCTT TTATTCTCCT 60
 AAATGGTTTG GAATTCAAGG AGAAGACGAT GAAATGGTAT CCAAAAACCA AnGAATATAT 120
 50 nGCATTAACT CTGAGGATGA TAGTGCGGTG GCAATTCGTT CATTAATTTT GCATAAAGAT 180
 GAACCTATGT ATTTAAAAAA ACGTACATGT GTACCTACTT TGTTAATTAA TGGGGAACAT 240

AAAAAAATCT TCGAACATTG AGGACATGCA CCGCATATTG AAGAACCAGA AGCATTATG 360
 AATTATTATT TAAAATTTT AAAAAGCGTA TCATAATATG TGATATATAA ACCTAGGGCA 420
 5 TAAAGTCCTT AGGCAATGTG AAAAAGCTGA TTAATTATCA TTATTTGATA GAAATCAGCT 480
 TTTTTTGAAA TGTATTTGAT ATATACTGCT CGTTATGCGG CTATCTTCCT TATATTAAGT 540
 GCCATTAGTG CAAAACCTCT TAACAATTAG GTAAAAAGAG CATAAAAAAA GGAAGTTTAA 600
 10 TAGAATGTAT CATCTATCAA ACTTCACCAA ATTGCGCTAA ACAAATTAT AGTTCAATTT 660
 CGTTGTTTGC TTCAGTGATT CGTTTATTTA CTCGACTCAA TAATGATTCTG ATTTTATTTAC 720
 GTTGTGTGTC ATTAACAAGA ATTAATACAG TTCTTTCATC ATGCTCATTG CGTTTTTTAT 780
 15 CGAAGTAATC TTCTTGAGAT AAAATTTTAA CTGCTTTAAC AACTTGTTGGT TGTGTTAGT 840
 TTAAATGATT AATAATATCT TTAAGATAGT ATTCTTCTC TTGTTTTCTG CTGATGTATG 900
 20 TCAATACAGC GAATTCTTCA AAGCTAATTG AATATTCCTT TTAATTAAA CTTTTTAATT 960
 TGTCAGCATA AGTGACCATT GATAACAACT CAAAGCAATC ATTGATTTTT GTAATTGCCA 1020
 TGTTTAAAC CTCCTATTT GATGCATCTT GCTCGATACA TTGCCCCGA TAATATATG 1080
 25 TATCTAATCT TTATGAT 1098

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 254:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

30 (A) LENGTH: 2881 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 254:

35 CCAGGTAAAA TTGTGCAATC ATTTGACGCA TTAATGGACG CCTTGGACAA TGAAGATTAT 60
 GAAGGAGAAA AAGTCATTCC ATTCTTAGAT AAACATTTTA AATATCAAGA TGGCCGATCA 120
 40 AGTGAGCGTT TAGTCAGAAA TTTATTTGGT AGCTAAGTTT ATATAGTAGT CAAAGTGGGA 180
 GAGGTATAAT GATGAAATTT TCAGTAATAG TTCCAACAT CAATTCAGAA AAGTATATAA 240
 45 CAGAATTACT TAATAGCCTT GCGAAACAAG ATTTCCGAA AACTGAATTT GAAGTGGTTG 300
 TAGTTGATGA CTGTTCAACA GATCAAACGT TACAAATAGT TGAAAAGTAT CGCAATAAAT 360
 TGAAGTTGAA AGTAAGTCAA CTCGAAACAA ATTCTGGTGG TCCAGGTAAA CCTAGAAATG 420
 50 KGGCGTTAAA ACAAGCAGAA GGTGAATTTG TATTATTTGT GGACTCCGAT GACTATATAA 480
 ACAAAGAGAC TTAAAGGAT GCAGCAGCAT TTATTGATGA ACATCACTCA GATGTCTTAT 540

	CACCTGAAGT TACTTTGTTA AATTCAAGAA TTATCTATAC TTTAAGCCCG ACTAAAATCT	660
	ATAGAACAGC ATTACTAAAA GATAATGACA TTTATTTTCC AGAAGAATTA AAGAGTGCAG	720
5	AAGATCAATT ATTTACAATG AAAGCATATT TAAATGCAAA TCGAATCAGT GTGTTAAGTG	780
	ATAAAGCGTA TTATTATGCT ACAAAGCGTG AAGGTGAACA TATGAGTAGT GCGTATGTTT	840
	CACCTGAAGA CTTTTATGAA GTCATGAGAT TGATTGCTGT AGAAATATTA AATGCAGATT	900
10	TAGAAGAAGC CCATAAAAAT CAAATCTTAG CAGAATTTT AAATCGTCAT TTTAGTTTTT	960
	CTCGTACGAA TGGCTTCTCA CTTAAAGTTA AACTAGAAGA TCAACCACAA TGGATTAATG	1020
	CTCTAGGAGA CTTTATACAA GCAGTTCCAG AACGTGTAGA TGCATTGGTG ATGAGTAAAT	1080
15	TACGACCATT GTTGCACTAC GCGAGAGCGA AAGATATAGA CAACTATAGA ACTGTGGAAG	1140
	AAAGTTACCG TCAAGGTCAA TACTACCGTT TTGATATTGT AGATGGTAAA TTAAACATTC	1200
	AATTCAATGA AGGCGAACCA TACTTTAAAG GCATTGATAT CGCTAAGCCA AAAGTGAAAA	1260
20	TGACAGCATT TAAATTGAT AATCATAAAA TTGTTACAGA GCTAACGTTA AATGAATTTA	1320
	TGATTGGCGA AGGACATTAT GATGTCAGAC TTAAATTACA TTCACGAAAC AAGAAGCACA	1380
	CAATGTATGT ACCTTTAAGT GTCAATGCGA ATAAACAATA TCGTTTTAAC ATTATGTTAG	1440
25	AAGATATTAA AGCGTATTTA CCTAAAGAAA AAATTTGGGA TGTTTTCTTA GAAGTCCAAA	1500
	TAGGTACGGA AGTATTTGAA GTGCGTGTG GTAATCAACG TAATAAATAT GCATATACTG	1560
30	CAGAAACAAG TGCATTAAAT CATTTGAATA ATGATTTTTA TAGATTAACA CCGTATTTCA	1620
	CAAAGACTT TAATAACATT TCGTTATACT TTACAGCTAT TACATTAACG GATTCAATCT	1680
	CATTGAAGTT AAAAGGTAAA AACAAAATCA TTTTAACTGG TCTGGATCGT GGTATGTAT	1740
35	TTGAAGAAGG TATGGCTAGT GTCGTAATAA AAGACGACAT GGTGATGGGA ATGTTAAGCC	1800
	AAACATCAGA AAACGAAGTG CAAAATCTTA CTTAGCAAAG ATATTAAAAA GCGAGACTTC	1860
	AAAAATATTG TTAAGTTAAA CACTGCACAT ATCACTTATC CACTAAATAA ATAATAAATG	1920
40	CCCTCAAATC ATTGTGAGCC AACATGATTT GAGGGCTTTA TTTTGCTGTT TATGACATGA	1980
	TTATGACATT TCCCTGATTT TCATTTTCAT ATACATTAAA TTGTATACAC TGGAAATGAG	2040
45	GAGGTTATCT ATAATGATAA ATAAAAATGA CATAGTAGCA GATGTAGTAA CTGATTATCC	2100
	GAAAGCAGCG GATATTTTTA GAAGTGTTGG AATAGATTTT TGTGTGGCG GACAAGTAAG	2160
	TATAGAAGCA GCAGCCTTAG AAAAGAAAAA TGTAGATTG AACGAATTAT TACAGCGTCT	2220
50	CAACGACGTT GAACAAACGA ATACACCAGG TTCGTTAAAT CCTAAATTTT TAAATGTTTC	2280
	ATCACTTATT CAATATATTC AATCAGCATA TCATGAACCT CTAAGAGAAG AATTTAAAAA	2340

55

	TGAGTTAAAA GAAACATACG ATACATTTAA AAATGGCATG TTAGAGCATA TGCAAAAAGA	2460
	AGACGATGTC GATTTTCCAA AACTCATTAA ATATGAGCAA GGTGAGGTAG TAGACGATAT	2520
5	TAATACTGTG ATAGATGATT TAGTTTCAGA CCACATTGCA ACGGGAGAAT TGTTAGTAAA	2580
	AATGAGCGAA TTAACATCTA GTTATGAACC TCCGATAGAA GCGTGTGGTA CTGGCGACT	2640
	TGTTTATCAG AGATTAAAAG CACTTGAAGT GTTAACACAT GAACACGTAC ATTTAGAGAA	2700
10	TCACGTATTA TTTAAAAAAG TATCATAAAT AACGCGATTA GAAACTGTTG GCAAAAATAA	2760
	GTCCAGCAGT TTTTCGCTAT GTATAAAGT CATAATAGTG ACATAAACAG CATTATTTGA	2820
15	AAAGAAAT GGTCAACTTA GCATAAAAT TGATATGAAN ATTTAATGGT ATAGATAATT	2880
	A	2881

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 255:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1056 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 255:

	ACCGTCGAAT ATCGCTTGTG ATTTACAATT TGTGTATTAA GATGCTCAAC TAATTTGGGT	60
30	ACATATTCCG AATTTAGATT TGCAAGTACA ACAATTCCAT AATTTTGTTC TGGATTTAGT	120
	AAAATAAATG ATGAAAAGTT ATCTAGCGTT CCTGAATGAA ACACTAAATG TTCATCATT	180
	TTGGTAAACC AGCCGGAAGC ATATGCATTG GCATTAGGTT CACCAATTGT TGAAGATAAA	240
35	TTTTTATGTG ATTGTTGAAC TAATGATTTG TATTTATCAG GTGGATTAAG TTGGAATTTT	300
	ATCCAAATGTT CCAAATCTTC AGTTGATGTC ATCATATATG CTGATGGTGT ATCCCAAAGG	360
	TTAAATTCAG GTTTAGAGAC GACAGGTGTC GAACCTTGTA ATTCATAGCC AATAGCATCA	420
40	TGTTTTGATT TGTAATTGGT TTGTTTGAAT GATGTATGTG TCATATGCAA AGGCTTGAGC	480
	CATGAATTTG TAATATATTT TGTATAGGAT TGCTTCGTAA CGTTTTGGAT AATTAAACCT	540
45	AATAAATCAT AGTTCATATT TGAGTATTCA AATTCCTCTC CGGGCTTATG ATGTAATTCA	600
	TCACCCATAA TTGCATGGGT TACATCATTT AAACGATTAT TTTTGCTTGT CACAGAATCT	660
	TCGCTTGTA TACTACTAGG TATACCACTT GTTTGAGCCA AAAGTTGCTT AATCGTAATA	720
50	GTTCATTTT GACCATTATA GTTCATTTTA AAATGAGGCA CATGTTTCCA TACGGCATCA	780
	TTTAAGTTTA ATCGACCTTC TTGAGCTAAT TTTAAAATTG CAAGACCTGT GAAAGCTTTC	840

TGATAACCAT AACCTTTATT TAAAAAACT TTGCCATTTT TTACTAYTAA AATTGATGCT 960

CCAGGAATGT GTCCCTTTTG TAAATCATGC TCGATAATTG TATCTATTTG TTGTTGCGAA 1020

5 TCATTGGTTA ACCGTGTCTT CGTATTGCTA TTTAAT 1056

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 256:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 10 (A) LENGTH: 1277 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

15 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 256:

ATGCCaCACT TATTGGTGGC AGGATCGACG GGTAGTGGTA AATCTGTTTG TATAAATGGT 60

20 ATTATTACAA GTATTTTATT AAATGCTAAG CCGCATGAAG TTAAACTTAT GTTAATCGAT 120

CCGAAAATGG TTGAACTAAA TGTTTATAAC GGAATCCAC ACTTATTAAT TCCGGTTGTT 180

ACAAATCCTC ATAAAGCTGC TCAAGCTTTA GAAAAAATTG TAGCTGAGAT GGAAAGACGT 240

25 TATGATTTAT TCCAACATTC ATCAACTAGA AACATTAAAG GTTATAACGA ATTAATCCGT 300

AAGCAAAATC AAGAATTAGA TGAGAAGCAA CCAGAATTAC CTTATATCGT TGTATTGTGA 360

GATGAGCTTG CAGATTTAAT GATGGTAGCT GGTAAAGAAG TTGAAAATGC GATTCAACGT 420

30 ATTACACAAA TGGCACGTGC AGCAGGTATA CATTTAATTG TAGCGACACA AAGACCTTCT 480

GTGGATGTAA TTACAGGTAT CATTAAAAAT AATATTCCAT CTAGAATAGC TTTTGCTGTG 540

AGTTCCTCAA CAGATTCAAG AACTATTATT GGTACTGGCG GCGCAGAAAA GTkACTTGGT 600

35 AAAGGTGACA TGTATACGT TGGAAATGGT GACTCATCAC AAACACGTAT TCAAGGGGCG 660

TTTTTAAGTG ACCAAGAGGT GCAAGATGTT GTAAATTATG TAGTAGAACA ACAACAGGCA 720

AATTATGTAA AAGAAATGGA ACCAGATGCA CCAGTGGATA AATCGGAAAT GAAAAGTGAA 780

40 GATGCTTTAT ATGaTGAAGC GTATTTGTTT GTTGTGgAC AACAAAAGGC aAGTACATCA 840

TTGTTACAAC GCCAATTTaG AATTGGtTAT AATAGAGCAT CTAGGTTGAT GGATGATTIA 900

45 GAACGCAATC AGGTAATCGG TCCACAAAAA GGAAGCAAGC CTAGACAAGT TTTAATAGAT 960

CTTAATAATG ACGAGGTGTA AAAAAATGTC AGAAATGAAT GCGGTATATA ACGTTAAACA 1020

ATaCATTTtA AATTtgATTA AGCAAAATAA ATTGGAATAT GGTGACCAAC TTCCAAGTAA 1080

50 TTTATCAATT GCCAGAGAAT TAAATGTAAA AACCgACGAT GTTTATGAAG CAATTcAGcA 1140

TTGATTACTG AACAAGTCAT TAAAGATAtT TTGAAGAGGG CACAAGTgTT AAGTCACTGC 1200

55

GttTTGAATG CGGAACT

1277

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 257:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 3557 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 257:

5	TACCGTCGTT TTATGyGTCA AATTTTACAG TAAATTTTGC TTCATCAAAA GAAATAACCT	60
15	TTAACAAGTA TAGTAATTTT ACATTTTACA ATGTTACAAA ATATAATTTT TTATAATTAG	120
	TTAAAATCAC TAAAACGCTT TTATACACTA TCAAATCAGC ATTTATAAAA ATATGAACCG	180
20	ATATCCTAAA ATGTTAATAA TATTACAAGA TAATAACAra CCACACAAAG CTACTTATTT	240
	TTGATAATAT GGAAATCGTA ATATAAAACn AAAACTTAAT TTACTATATA AATTGTCTTA	300
	ATAATTTTTA AAAGTAGTAA AACATAATTT TAAGGAGGAG TCCCTTTGAA AAAATTAGCA	360
25	TTTGCAATAA CAGCAACATC TGGTGCAGCT GCATTTTAA CGCATCATGA TGCACAAGCT	420
	TCTACACAAC ATACAGTACA ATCTGGTGAA TCATTATGGA GTATTGCTCA AAAATACAAC	480
	ACTTCAGTAG AGAGTATTAA ACAAATAAC CAATTAGATA ACAACTTGGT ATTCCCTGGT	540
30	CAAGTTATCT CAGTAGGTGG AAGTGATGCA CAAAATACGT CAAACACTTC TCCACAAGCT	600
	GGTTCAGCAT CATCTCATAC TGTACAAGCT GGTGAATCAT TAAATATCAT TGCTAGCAGA	660
	TATGGTGTIT CAGTTGATCA ATTAATGGCA GCCAATAACT TACGTGGTTA TTTAATTATG	720
35	CCTAACCAAA CATTACAAAT TCCTAATGGT GGATCAGGTG GTACAACACC AACAGCTACA	780
	ACAGGTAGCA ATGGCAATGC ATCATCTTTT AATCACCAAA ATTTATACAC TGCTGGTCAA	840
	TGTACATGGT ACGTATTTGA CCGTCGTGCT CAAGCTGGTA GTCCAATTAG CACATATTGG	900
40	TCAGACGCTA AGTATTGGGC TGGTAACGCA GCTAATGATG GTTACCAAGT AAACAACACA	960
	CCATCAGTTG GTTCAATTAT GCAAAGCACA CCTGGTCCAT ATGGTCATGT TGCTTATGTT	1020
45	GAACGTGTCA ATGGTGATGG TAGTATCTTG ATTTCTGAAA TGAATTACAC ATATGGTCCA	1080
	TACAATATGA ACTACCGTAC AATTCAGCT TCAGAAGTTT CTAGCTATGC ATTCATCCAT	1140
	TAATTAAATA AATTGTACTG ATATATACTA GCAATTCACA TCATGTGAGA TTGCTAGTTT	1200
50	TTTATTTTGT AAAAAAATTT TCATTTTGGT ACAAAAAATT ATCTCACCCCT TCCCTATCAT	1260
	ACATAFTTAT ATTTTGTATG AATGGTAGTT AGGTAAAAAT TAACAACCTA CCTATTTGAT	1320

	ATTTAATTG TTATACCAGT ATTTACGCT TTTTCGTCTA CATATACAAA TTTATATTAA	1440
	ATAAAGCCCA ATACAATTTA GGTTAATTAA ACAAGTTGAT AACTATTAA TTATTCCTTC	1500
5	ATTGAAGAAT ATAACTATT AAATCATTAT TTTGCTCTTA CATATATTTT AATGACCTAA	1560
	CTGATTATGT TCCATGGAAT ACATTTATAA TATAGCCTCC TAATTAAAT GCYTTGTCTT	1620
	GGTCATTCTA CGTAAATTCT ATAAAAATG TTATCTACTT ACATAAATCT CTGACTTCA	1680
10	ATACCACCAT ATGTTTGTGA TACTGAAGTT CAGTTTAGTT TTATTTTCAA TTAGAAAAAT	1740
	AAGTTAAGTA TATAGAATAG TAAACCTGCT AACAAATGCTG AAATAGGTAA TGTAATCACC	1800
	CATGTAATGA TCATTGCTTG CGCAGTGCTC CATTTTACAC CTTTAGCTCG GTTAGAAGCA	1860
15	CCAACACCTA AGATTGATGA TGACACAACG TGAGTTGTTG ATAATGGGAA ATGTAGCGAT	1920
	GATGCAACAA AAATTGTTAA TGCAGATGAT AAATCGGCCG CAGCACCATT TGCTGGACGT	1980
20	ATTTTCATAA TATTACCACC TACAGTTTTG ATAATTTTCC AGCCACCAAT TGCAGTACCA	2040
	AGCCCCATTG CTGTCGCACA GGCAATTTT ACCCATAACT GTGGTTCAAC ACTGCCATCA	2100
	TTCTGTACAT TAGCGACAAT CAATGCCAAC GTAATAATAC CCATTGATTT TTGCGCATCA	2160
25	TTCGTACCGT GAGAGAATGA TTGTAACGCT GCTGTGAAA TTTGGAAAA TCTAAAGTTA	2220
	CGATTGCTC TTGTTAAATT TGCATTTTTA AAGATAACTT TAAAAATTGA ATACATCAAG	2280
	AAACCAACAC AAAATGCGAT AATCGGTGAA ACGATTAAATA CAATAATAAT TTTTGTGAAA	2340
30	CCTTGGAAT GTAACACTCC AAATGAGCCT TCAGATGCGA TTGCTGCACC CGCAATTGAA	2400
	CCTATAAGTG CATGTGAAGA CGAACTTGA ATTCCGTAAA ACCAAGTAGC TAAATTCCAA	2460
	ATAATAGCCG CAAGTATTGC AGCTAACACA ACACTAATC CATTTTCCAA TTTAAATGGA	2520
35	TCGACAATGT CTTTAGTAAT GGTGCCTGCA ACGCCCGTAA ATGTTAAAGC ACCTATAAAG	2580
	TTCACTACTG CTGCCATTAA AATTGCCGTT TTAGGTTAA CGCTCTAGTA GATACAGCAG	2640
	TAGCTACTGC ATTGGCTGTA TCATGGAATC CATTGATAA AGTCAAATAT CAGCGAGAAA	2700
40	ATAACTACAG CTATAGTGAC GATGATTATA TATGACATAA ATATATACTC CCCTTAGCTA	2760
	TTTTTCATAA TAATAGTTTC AAAATTATTT GCTACGATTT GACATTTATC AGCGATTCT	2820
	TCCATGCTTT CATAAATATC TTTTATTTTA ATTAAAGTGA TTGGATCTGT TTCGCTATTG	2880
45	AAAATATGTT TAATTGACTG TCTTAAATA CCATCACAGT TTGTTTCAA TTCTTTAATA	2940
	TTAATTGAAT GAATACGCAT ATGTGATAAT TTTTATCGA CTAATAAGCC GACAGCAAGT	3000
50	TTCATTTCTG CAACTGCTTT TTGAATGTTA TCAACAACT CAGCCATATA TTCATCTGTG	3060
	TATTGATTG AATACATTC AAACATGCT GCCGTTTCTT CAATTGCATC TAAAACATCA	3120

TTTAAATCAG TAATTACTTG ATGTACTAAT tCGcACCATG TGACTCATAA GTTTTAATGT 3240
 TGTCTGAGTA TGCTTTTAAA TCTAAATGTG TATTGAAATC CATTTTACCG AATTCAATAG 3300
 5 CAGCAGGATC CAGATTGAAA ACCATCTCTT CTAATTGAAC CATAAACTTA TCTTTTTTCT 3360
 TACTAAACAT TTAAATCCT CCATTTAAGC GATTGTCACC AATCACATTC AGTTATAATT 3420
 TGTTCAAAT TAAGACAAGT GAATTTACAA ACTAATGATA CAAATTTGTT ATTATCAATC 3480
 10 GTCAGTATAA TTTTAGTGTA CTGATATTAA TTTCAAAAAT GCCTCACAGT AAACAATTTA 3540
 CTGTATTTGC CCTTATA 3557

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 258:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1631 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 258:

AACTATACAT TTCGAAAAAT TCTTCTAGTG AACCTGCGCC ACCAGGAGCC ATGACAAATG 60
 CATCTGCAAG TTCTGCCATT TTATTTTnAC GTTCATGCAT AGAATCAACT AAAATTAATT 120
 CAGTTAAACG TTGGCTTG TG ATTTCATGTT CATCTAACAT TTAGGCATG ACGCCAATAG 180
 30 CTTTGCCGCC ATGATCTAAT ACACCATCTT GaATGGCACC CATAATGCCA ATTGACCCTG 240
 CACCAAATAC TAATTCATAA CCTTGTTTCT CAAAATATTT ACCTAAATCG TATGCTTTTT 300
 GTACATATGA AGGGTCATGA CCTTTGCTTG CACCACAATA AACTGCGATT CGTTTCATGT 360
 35 TAATCCAGCT CCTTAATTCG ATGAATGACT TTTAATAGTG ATTGTTCAA CACTTTTTGA 420
 TCTTGCTTTG TAAAAGGTGG GGGACCTTTG TGGCGACCAC CTGTTTTTCT AATTTGTGCA 480
 TTCAATATC GTTTATCTAA TAGTTGTGTA ATATTTTGG AATTGTATAT CTTCCCATTA 540
 40 TGATGCATGA CAATTAAGAC TTTGTGCGACT AATAAACTTG CGAGTCCATA ATCTTGAGTG 600
 ACTACGATAT CATCCTTCGT TGATAATTGA ACAATTTTGT AATCAACTGC ATCTGGTCCA 660
 TCATCAACAT ATAATGTTGA TACATGTGGA GGATATAATT GGTTCGAAAA ATGGCTGAAG 720
 45 CTCCGAATAA TTGTCACAAA AATGCCTGTC TCAGTTGTTA AATCTATAAT AGAATCAACA 780
 ACAGGACAAG CATCTCCATC AATAATAATA TGTGTCACAA TTATGCCTCT GTATTGTTTT 840
 CTTTATTTTG TTGAGAGGCG CTTTGGCAA CATAATCTTT ATATTTTTTA AATGACTTGA 900
 50 TCGTGCTTT ATCAGCTTCT TGTGCGGTT TTTGTTCTTC TTTGTGTCGT TTTCAATAT 960

CGCCTTTTT CTCAGTTTC TCATCTAATT TATTAGGTGT TAAGCCTGCT TTTTCTCGT 1080
 ATTTTGTGA TTTTTCATA TCITTAATAC GTTGATTTTC ATTCTTTTCG CGGGCTTTTT 1140
 5 GCTCTTCTTT ATGACGCTT TCGATATTTT TTTGAAGTAT TTTATTCATT TTATCAGCGT 1200
 CTTTACGATT TTGTTTAGCT AATTTTTCGC CTTTTTCTC AATATAGGCA GGATCATGTT 1260
 CTCTAGCAAA CTTTTTAAGT TCACGTTTAT TTTCAAATC TTGTTTTTTA TCGCCGACAT 1320
 10 ATTCTTTAAC ATCACTCGCT GTGTTACTGA TTGCTGCAGA TGTTTTTGAA GCAACTTTAC 1380
 TTGTAGCATC TGTAACTTT TGTACGTCG GATGTTGTTT GATACGTTA CGTTCAACAA 1440
 TTAACGGTAC CAATACAATT GGTAAATACAT TAATCATAAA TTTGATGACT TTTTCTTAT 1500
 15 CCATAGATCT TGcCTCCaTA ATTACTTTAT TAAtTTTACa TACCCtATGa TACATCAATA 1560
 TAAACGATGA TAGTAGTGAA TCACTATTAA GTATTTTcAGA TGTTTTtTAA AAgaAGaCCC 1620
 20 AATTAnAAAA A 1631

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 259:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 6645 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 259:

CGAAATCATG ATTTAATGCT TTTTCATATA AGCTTTTCCA ATTAATCTTT CGTCCATGAT 60
 ATTCCTCAAC TGTTGCTAGA TATTGTGCAA TTTTAGTTAC TTAAAGGAG TGTGCTGCAA 120
 35 CaTTGTGkTC mAAATATTTA AATTTTCCaG GtAATCTTAT AAGTCTTTCC aTATCTGATA 180
 ATCTtTAAA ATATTGATGT ACACCCATTT CAATTACCTC CTCCATTAAT TAATCATAAA 240
 TTACTTTTC TTTTACATA TCAATCAATT AAATATCATT TaaATATCTT CTTTaTATAA 300
 40 CTCTGATTAA ATGATACCAA AAAATCCtCT CAACCTGTTA CTTAAACAGG CTAAGAGGAT 360
 AGTCTTGTCT TGATATATTA CTTAGTGGAT GTAATTATAT TTCCTGGAT TTAAAATTGT 420
 TCTTGAAGAT TTAACATTAA ATCCAGCATA GTTCATTTCa GAAACAGTAA TGTTCcATT 480
 45 AGGGTTTACA GATTCAACAA CACCAACATG TCCATATGGA CCAGCAGCTG TTTGGAAAAT 540
 AGCGCCAAct TCTGGTGTtT TATCTACTTT AAATCCtGCA ACTTTTGCTG CGTAATTCCA 600
 GTTATTTGCA TTGCCCCATA AACTTCCTAT ACTTCTACCT AATTGTGCAC GACGATCGAA 660
 50 AGCATAATAT GTGCAGTTTC CATAAGCATA TAAGTTTCCT CTGTTAGCAA CTGATTtATT 720

	TACATTA	ACT	GTCTTAG	TTA	CTGCTTG	CCT	AGGTG	CCTGC	TTAACTACTA	CTTTTTTAGA	840			
	TGCTTG	TGT	ACAGG	TGT	TTACTAC	CTT	TTTAG	CCTTG	CTTGCTTTTC	TTACTGGTGA	900			
5	TTTAAC	CGCT	TTAGT	TTGTT	TCACTTT	ATT	TTGAG	GCACA	AGTGAA	TCA	CGTCACCAGG	960		
	AAAAAT	TAAA	GGTGT	TACAC	CAGGAT	TGTA	TGAAT	TATAAT	TGATTCA	ACG	TTAAGTGATG	1020		
	CTCTAA	AGCA	ATCTT	TATATA	ATGAAT	CGCC	AGCAACT	ACT	GTATAAG	TG	TCGGTGATTG	1080		
10	CGTTTG	TGCT	TGAAC	ATTTG	ATACATA	AATT	ATGTTGA	ACA	GGTGT	TTTTTA	CTTGTGTGCC	1140		
	ATGTTG	TGT	GCATG	TGCTG	CATTAT	TTTAA	AGCTAAAA	A	GCTAAC	ACTG	ACGAAACCGT	1200		
	CACTGT	AAGA	GATTTTT	TCA	TCTTG	CTGTC	ATTCCT	TTG	TGTTAG	TATT	TTAAGTATGC	1260		
15	AAATACT	TATA	GCACA	ATACA	TTTTGT	CAAA	AGCTATT	GTT	ATAAC	GATGT	AATCAAATGG	1320		
	TTAACA	ATAT	AAAAAGA	ATA	CAACCT	TTTTA	TCATAG	TGTA	AAATGT	ATT	ATACCATGTA	1380		
20	ATTGAGA	ACG	TTTTCA	ATAA	TTAATT	CAAT	ACCTTG	AAAA	TCGCC	ATAGG	TAATATTACT	1440		
	AAATGC	CACAC	TGCAT	ATGTT	GTTTTA	ACAA	ACACA	ACTTT	TAAAAA	TAT	ATTCTAACTC	1500		
	TATCTA	CCGA	ATTGT	ACTTA	AATATT	CATA	AACAA	ATCAT	ATTCC	AAAAT	CTAATTTACA	1560		
25	ATTTATT	TTAG	CTACCT	TTTAA	AAAAAC	CAAA	AACCG	ACGCC	CTTTT	AGAGC	CTCGGTTTTA	1620		
	AAATAT	ATAT	TAATC	GTGCG	ACATTG	TCTG	TCTTAA	ATAT	GATT	CGATAA	ATGGTCCAAT	1680		
	GTCTCC	CATCC	ATCACT	GCAT	CAACCT	TACC	TGTTT	CCTCG	TTCGT	ACGAT	GATCTTTCAC	1740		
30	CATTGAG	TAT	GGATG	GAAAA	CATAT	GATCT	AATTTG	GGCTT	CCCCA	GCCGA	TTTCTTTTTG	1800		
	TTCGCC	CAGA	ATTTCA	GCCA	TTTCA	CGTGC	CTGCT	CCTCC	AATTTT	AATT	GATATAATTT	1860		
	AGACTT	TAA	ATTTTC	CATAG	CTGCTT	CACG	GTTTTT	AATT	TGAGA	ACGTT	CATTTTGGTT	1920		
35	ATTAACA	ACT	ATACCT	GAGG	GGTGG	TGGGT	AATTCG	TATT	GCCG	ATT	CAG	TTTTGT	TAAT	1980
	ATGCTG	ACCA	CCTGC	ACCAG	AAGCT	CTGAA	TGTAT	CAACT	GTAAT	ATCAT	CCGGATTGAT	2040		
	TTCAAT	CTCT	ATTTCA	TCAT	TATTA	AAATC	TGGA	ATAACG	TCGC	ATGATG	CAAATGATGT	2100		
40	ATGACG	ACGT	CCTGAT	GAAAT	CAAATG	GAGA	AATTCG	TACT	AGTCG	GTGTA	CACCTTTTTC	2160		
	AGCTTT	TAAA	TAACCA	TAA	CATTAT	GCCC	TTTGAT	GAGC	AATGTT	ACAC	TTTTAATCCC	2220		
	CGCTTC	CATCC	CCAGGT	AGAT	AATCA	ACAGT	TTCAAC	TTTA	AAGCC	TTTCT	TCTCACAATA	2280		
45	ACGTTG	ATAC	ATTCTA	AAATA	GCATAT	TAGC	CCAATC	TGTA	GACTCC	GTGC	CACCTGCACC	2340		
	AGGATG	TAAC	TCTAGA	AATTG	CGTTAT	TGGC	ATCGT	GAGGC	CCATCT	AAATA	ATAATTGCAA	2400		
50	TTCGTAT	TCA	TCCACT	TTTAG	CCTTAA	AAATT	AATGAC	CTCT	TGCTCT	AAAGT	CTTCTTTCAT	2460		
	TTCTTC	CATCA	AATTCT	TCTT	GTAATA	AAATC	CCAAG	TAGCA	TCCATG	TCAT	CTACTTCTGC	2520		

55

	TTGCGCTTTC GTTTGGTTAT CCCAAAAATT AGGTTCTGCC ATCATTTCCTT CATATTCTTG	2640
	AATATTAGTT TCTTTGTTCT CTAAGTCAAA GAGACCCCT AATTTGTGTT AAATCTTGAT	2700
5	TATACTTATC TATATTTTCGT TTGATTTCTG ATAATTCAT AGcATTGCT CCTATTTATA	2760
	TTTCAATTCA AGTCATTGAT TTGCATCTTT TATAATGCTA AATTTTAACA TAATTTTGTT	2820
	AAATAACAAT GTTAAGAAAT ATAAGCACAC TGACAATTAG TTTATGCATT TATTGTTAAA	2880
10	AATCAGTACA TTTATCATCG ACATATGCCT AAACCGATTT TTTAAACTA AGTACATAAC	2940
	AACGTTTAAC AACTTCTTCA CATTTTTTAA AGTATTTAAC GCTTGTA AAAAAGACT	3000
15	CCTCCCATAA CACAACTAT AGGTGTTTAA TTGGAAGGAG TTATTTTATA TCATTTATTT	3060
	TCCATGGCAA TTTTTGAATT TTTTACCACT ACCACATGGA CAATCATCGT TACGACCAAC	3120
	TTGATCGCCT TTAACGATTG GTTTCGGTTT CACTTTTTCT TTACCATCTT CAGCTGAAAC	3180
20	GTGcTTGCT TCACCAAAC CTGTTGTTTT TTCACGTTCA ATATTATCTT CAACCTGTAC	3240
	TACAGATTTT AAAATGAATT TACAAGTATC TTCTTCAATA TTTTGCATCA TGATATCAAA	3300
	TAATTCATGA CCTTCATTTT GATAGTCACG TAATGATTT TGTGTGCAT AAGAACGTAA	3360
25	GTGAATACCT TGACGTAATT GATCCATTGT GTCGATATGA TCAGTCCAAT GGCTATCAAT	3420
	AGAACGAaGT AAAATCATAC GCTCAAAC TCATTATTGT TCTTCTAAGA TATCTTTTTG	3480
	ACTTTGATAT GCTGCTTCAA TCTTAGCCCA AACGACTTCG AAAATATCTT CAGCATCTTT	3540
30	ACCTTTGATA TCATCCTCTG TAATGTCACC TTCTTGTAAG AAGATGTCAT TAATGTAGTC	3600
	GATGAATGGT TGATATTCAG GCTCGTCATC TGCTGTATTA ATATAGTAAT TGATACTACG	3660
	TTGTAACGTT GAACGTAGCA TTGCATCTAC AACTTGAGAG CTGTCTTCTT CATCAATAAT	3720
35	ACTATTCTT TCGTTATAGA TAATTTACG TTGTTTACGT AATACTTCAT CGTATTCTAA	3780
	GATAcGTTT CGCGCGTCGA AGTTATTACC TTCTACACGT TTTTGTGCTG ATTCTACAGC	3840
	TCTTGATACC ATTTTGTATT CAATTGGTGT AGAGTCATCT AAACCTAGTC GGCTCATCAT	3900
40	TTTCTGTAAA CGTTCAGAAC CAAAACGAAT CATTAAITCA TCTTGTAATG ATAAATAGAA	3960
	GCGACTATCC CTTTATCAC CTTGACGTCC AGAACGACCA CGTAACTGGT CATCAATACG	4020
45	ACGAGATTCA TGTCGCTCTG TACCTATTAC TGCTAAACCG CCTAATTCCT CTACGCCTTC	4080
	ACCTAATTG ATATCTGTAC CACGACCAGC CATGTTAGTG GCAATAGTAA CGGCACCTTT	4140
	TTGTCCAGCG CCTGCAACAA TTTGAGCTTC ACGTTCATGA TTTTTCGCAT TTAACACATC	4200
50	ATGACGGATA CCACGTTTTT TAAGTAAATT TGAAATATAT TCAGAAGTCT CAACTGCAAC	4260
	AGTACCTAAT AGCACTGGTT GCCCTGCCTT GTGTTTTTCA ACAACATCTT CTACTACTGC	4320

55

	TTTATTTGTC GGAATTTGAG TTACTGTCAT GTTATAAATA TTTCTAAAT CTTCCTCTTC	4440
	AGTTTTAGCT GTACCTGTCA TACCCGCAAG TTTATTGTAC ATTCTGAAAT AGTTTTGGAA	4500
5	TGTAATAGAC GCCATAGTTT TAGATTCATT TTGAATTTGA ACGCCTTCCT TCGCTTCAAT	4560
	AGCTTGGTGT AAACCTTCCG AGAAACGACG GCCTGGCATT GTACGTCCTG TAAATTGATC	4620
	GACAATTAAT ACTTCGCCAT CAACAACCAT ATAGTCTACG TCACGTTGTA ATGTAACGTG	4680
10	CGCACGTAAA GCTGTGTTGA TATGACTAAT AACATCAACA TTTTGTACAT CATATAAGTT	4740
	TTCAACTTTG AACATACGTT CAGCTTTATC CGCACCTTGT TCTGTTAAAT GTACAGCTTT	4800
	CGTTTTTTCA TCGTATTTAT AATCTTCGTC CTGTTTTAAC ATTTTCGCAA AAACATTTGC	4860
15	TTGTGTATAA AGTGACGTTG ACTTTTCAGC TTCACCAGAA ATAATTAATG GCGTACGTGC	4920
	CTCGTCGATT AAAATTGAGT CAACCTCATC AATGATTGCA AAATGTAATG GACGCATTAC	4980
20	TCTATCTTCA GAATAATTCA CCATGTTATC TCGTAAGTAA TCAAAACCTA GCTCATTATT	5040
	AGTACTGTAA GTAATGTCTT GTGCGTATGC TTCACGTTTT TCTTCTGTCG TCTTACTGTT	5100
	TAAGTTTAAT CCGACAGTCA AACCTAAGAA GTTATATAAC TCAGCCATTT CTTCACTTTG	5160
25	AACACTTGAT AAGTATTCAT TGACTGTAAT AACGTGAACA CCTCTACCAG CTAATGCATT	5220
	TAAGTATGTT GGCATTGTG CTGTTAATGT TTTACCTTCA CCTGTTCTCA TCTCAGCGAT	5280
	ATCACCTTTA TGAATTGCAA TACCACCCAT AATTTGAACT TTATATGGTG TCATATTGAA	5340
30	TACACGTTTA GAGCCTTCTC TAACAAGTGC ATATGCTTCT GGTAAAATTT TATCTAAATA	5400
	ATCATTTTGC TTTTGGACAT TATCAATGTC AGCTAATTCT GTTTGGAATT GTTTCGTTTT	5460
	ATTACGAATT TCTTCATCAG TTAAATTGTC CGTTTTTTCT TCTAAAGCGA TTACTTTATC	5520
35	AGCAAGTTTA CCTAACTGTT TAATTTCTTT ATTATTGCCA TCAAGAATTT TTGATAAAAA	5580
	TCCCATTTCG TTCGCTCCTT TAGCTAAAAA ACTGTTTGGC CTACAACAAT ATATCTTATC	5640
	ATTTATAGTT AGAAAATTAT ACTTATTTAC TCATTTGTAG AATCAATATA AATATATTTA	5700
40	TGACATACTT CATTACATT CTGTTGTCAA CAAGTTTATC ACTAATAAAT ATATTCTCAA	5760
	TACGCAATTA TACTTCCTAA TAAATTATAT TATAAATATT TTACGATTTT CGACTCGGAC	5820
	TATACAATAG ACTGACATAC TATTATTAAC TTAACATTCA AATATATACA TCCATTAACA	5880
45	TTAGCATAGT CACTATGTTT CATTCAACAA ATTACATTAT CGAACTATGA AATAGTCATA	5940
	ATTTGCTTTT GGAGTATAAA AAAGCACTTG TGCAAAAACA CAAGTGCTTT AACTTAATT	6000
50	TATTGTTTAC TAGTTTGAAT CAAGCCATAT TTACCGTCTT TACGGCGGTA AACGATACTT	6060
	GTTCCATCAG TTTCTCTGTC TGTGAATACA AAGAAGTCAT GACCTAATAG ATTCATTTGT	6120

55

ATCTCGTTAT CATCGTAAGC GTCATTATCA ACTTGTGTTT CTGCAATTC TTGTAATTCG 6240
 GCAACAAACA CTTCTTGATC TCCTCGATCA CGGCTCTTAC GATTAATACG TGTTTTATAT 6300
 5 TTTCGAACTT GTCTTTCAAG TTTATTATTA ATTAAATCAA TACCTGCGTA TAAATCATCG 6360
 TTTGCTCTTT CAGCTCTTAA CGTAACATTT TTCAATGGAA TTGTTACTTC AATTTTAGTA 6420
 GCTGAATTTG AATAAGTTTT AACTTTAACA TCGGCCACTG CATTTGGTAC GTCATTAAAA 6480
 10 TAACGTTCCA ACTTACCAAT TTTTCCKCA ATATAGTTGC GAATAGCATC TGTGATAGTG 6540
 AGGTTATCTC CATGAATTTT AAATCTAATC ATAGTAAATC TCTCCTTAAA CCTCTTTATN 6600
 GGNAACTCMT TATTATATTT AACATTTTTTA CGCCAATCGT GCAAA 6645

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 260:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 7430 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 260:

CAGTTCAGC ACATCTATTG GGGATCAACA AACTAGGGAA AATGCTAATT ATCAACGTGA 60
 AAACGGTGTT GACGAACAGC AACATACTGA AAATTTAACT AAGAACTTGC ATAATGATAA 120
 30 AACAAATATCA GAAGAAAATC ATCGTAAAC AGATGATTG AATAAAGATC AACTAAAGGA 180
 TGATAAAAAA TCATCGCTTA ATAATAAAAA TATTCAACGT GATACAACAA AAAATAACAA 240
 TGCTAATCCT AGCGATGTAA ATCAAGGGTT AGAACAGGCT ATTAATGATG GTAAACAAAG 300
 35 TAAAGTGGCG TCACAGCAAC AGTCAAAAGA GGCAGATAAT AGTCAAGATT CAAACGCTAA 360
 TAACAATCTA CCTTCACAAA GTCGAATAAA GGAAGCACCA TCATTAAATA AGTTAGATCA 420
 AACAAAGTCAA CGAGAAATTG TTAATGAGAC AGAAATAGAG AAAGTACAAC CACAACAAAA 480
 40 TAATCAAGCG AATGATAAAA TTAATACTA CAATTTTAAAC AATGAACAAG AAGTGAAACC 540
 TCAAAAAGAC GAAAAACAC TATCAGTTTC AGATTTAAAA AACAAATCAA AATCACCAGT 600
 AGAACCAACA AAGGACAATG ACAAGAAAAA TGGATTAAAT TTATTAAAAA GTAGTGCAGT 660
 45 AGCAACGTTA CCAACAAAG GGACAAAGGA ACTTACTGCA AAAGCGAAAG ATGATCAAAC 720
 GAATAAAGTT GCCAAACAAG GGCAGTATAA AAATCAGGAT CCTATCGTTT TAGTGCATGG 780
 50 TTTCAATGGG TTTACAGATG ATATTAATCC TTCAGTGTTA GCTCATTATT GGGGCGGTAA 840
 TAAATGAAC ATTCGCCAAG ATTTAGAAGA AAATGGTTAC AAAGCTTATG AAGCAAGTAT 900

	TCGTGTAGAT TATGGTGCAG CACATGCAGC AAAATATGGA CATGAACGTT ATGGAAAAAC	1020
	ATACGAaGGA ATTTACAAAG ACTGGAAACC AGGACAGAAG GTACACCTAG TTGGACATAG	1080
5	TATGGGCGGT CAAACGATAC GTCAACTAGA AGAATTACTG CGTAATGGTA ATCGTGAAGA	1140
	AATAGAGTAT CAAAAGAAAC ATGGTGGcGA AATTTCTCCA CTATTCAAAG GTAATCATGA	1200
	CAATATGATT TCATCAATTA CTACTTTAGG AACACCACAT AATGGTACAC ACGCATCAGA	1260
10	TTTAGCTGGT AATGAAGCTT TAGTGAGACA AATCGTATTT GATATCGGTA AAATGTTTGG	1320
	TAATAAAAAAT TCAAGAGTAG ACTTCGGGTT GGCTCAATGG GGTCTAAAAC AGAAGCCAAA	1380
	TGAATCATAT ATTGATTATG TCAAACGCGT TAAACAATCT AATTTATGGA AATCAAAGA	1440
15	TAATGGATT TACGATCTGA CGCGTGAGGG TGCAncAGAT TTAAATCGTA AAACGTCGTT	1500
	GAACCCTAAC ATTGTGTATA AAACATACAC TGGTGAAGCA ACGCACAAAG CATTAAATAG	1560
20	CGATAGACAA AAAGCAGACT TAAATATGTT TTTCCCATTT GTGATTACTG GTAACCTAAT	1620
	CGGTAAAGCT ACTGAAAAAG AATGGCGAGA AAACGATGGT TTAGTATCCG TTATTCTTTC	1680
	TCAACATCCA TTTAATCAAG CTTATACAAA AGCGACAGAT AAAATTCAAA AAGGCATTTG	1740
25	GCAAGTGACG CCTACAAAAC ATGATTGGGA TCATGTTGAC TTTGTAGGAC AAGACAGTTC	1800
	TGATACAGTG CGCACAAGAG AAGAATTACA AGATTTTGG CATCATTTAG CAGACGATTT	1860
	AGTGAAAAC T GAAAAGCTGA CTGATACTAA GCAAGCATAA TTTATAAAGT AAAGGGAGGA	1920
30	ATTAATAATG ACTGCAGACT TCTTTCAATT AATCGGATCA TTATTTAGAA TTCTAAAAGA	1980
	ATTATTCAAG TAAAACATTG GCGAGGCCCC AACATAAGA ATTTGAAAAA GAAATTCTAC	2040
	AAACAATGCA AGTTGGCGGG GCCCCAACAA AGAAGCTGGC GGAAAGTCAG CTTACAATAA	2100
35	TGTGCAAGTT GGCGGGGCCC CAACATAGAA GCTGGCGGAA AGTCAGGTTA CAATAATGTG	2160
	CAAGTTGGGG TGGGACGACG AAATAAATTT TGCGAAATA TCATTTCTGT CCCACTCCCA	2220
	TTGGCATTTA CGAAGTTTAA ATGTGCAATT AGAATATATG TATAACAATA TTAAACACGC	2280
40	GGTAAACGA AGTCAGTCAA TTCAAAGTGA TTTGCCCCAC CGCGTGTITT TAACATAGCT	2340
	TAATAATTAA TAAGCATTAA TGTICAATTT ATATGGTTGT TTTCCAATAA TAAACCTAAA	2400
	GATATAGAAT TCACGCAATA TCATGCCGAC ACCTATACAT AATCCTAAAA TGAATAGTAG	2460
45	TGATATCGCT AGAAAGACCA TTGTATTATC CTCAAATATA TTTGTATATG CAAACAATGA	2520
	GTCTAGAATG ATTGGATGTA ATAAATAAAT AAAGAATGAG AAAGCACTAA TCATTGAAT	2580
50	CGTATTAAAT AACATTGTTT TAAAATGCGT GCAAATACCC AAGATAACAA TAAACATAAT	2640
	ACTATTATAT GGTGTTAATG AATATGAAAA GCTGGTAACG TTCCAATAGT CTCCaTTTGT	2700

55

	TCTAAGAAAT TTAATACACG TTCGTAGTTA TAACCCATAT ATGCACCTAA GAAGAAATAA	2820
	AAAATCCATC CGAATATTAT AGTATTTTCA CTTAATGGAT AATAGTGTAG CACGGTATCG	2880
5	TGAAACGCTG TGTGTTCGT AAAGTAATAT AAAAATGATT GCTGTAAAAT AAAAGATAAC	2940
	AATAATAATA TTTTACTGTT GAATAGGTTA TAGTTAATTT TAAAAATGAT ATAACTCAAA	3000
	ATAAGAATT GCATGATAAC AACGATAAAA TAGCCATACC ATTGACCTAA TAGGACATTT	3060
10	TCAATGAATT GTTTATTGAA ACTTGAATCT GTTAATAATG ATTCACTATA ACTGTAAAAC	3120
	AATCCCATTA ATATGTAAGG AATAAGTATA TATTTTACGC GTGTAGTTAA GTATCTATAG	3180
	GTGACTTTTT GGTAATTCAA GGTTGTCAGT AACTGTGACA AGATAATAAA GCAAGGTGTA	3240
15	CCAAAAATCA CAATATTACG AATGTAAAAT TGTAACACTA AGGATCCACC CTCCATATTT	3300
	TCATGTTTTA AAGTAATTTG TGTAAGTAAA TGTGTGATAA TAATAATTGC ACATATAATA	3360
	GCACGTAAAT ATACGAGTTC AAGTCTAATC TTTTTCATGG AATCCGTCCC ATCTCTTAAT	3420
20	TAAATGCTCA AAAGCATCAT CACTAATTAA TATTCTAGGG ATGTAATAAT CATTGGAGTT	3480
	CGGAGTGACT GCTTTTTCCT CTAATGAAAA ACCGTATTTT AACCCAGCTT TTTTGATTAC	3540
25	CGGTAATTTA TCGTCATTCA TCAAGCCATA AGGATAGGCT ATAGTTTTCT GCGACTTTTT	3600
	AAAGTTTTTA GTTAGATAAT TTTCACTTTT GTTTAAATCT TTTATGATTG TAGCTTCAGA	3660
	AGCTTTCATT AATTTTGACT TATTATTTTT AGATAAGTTA TGCAAATCGT GGGTATGTGT	3720
30	TTCAAATTC CATAACCCAG TTTTATACAT TTCTTTTAGT TCTTTTTTAC TAATCATATC	3780
	GAGGTGTGA AAGTTTTCTT CCCCAACATG ACCTGTGATA ATAAACCCAG TTGCCGGTAT	3840
	TTTATATTTT TTTAAGATTG GATAAGCATT TTCATAAATA GTTTCATCCA TATCATCAAA	3900
35	GTTAATCCAT ACACTTCGTT TTGGAACTT ACCTTTTTTC TTGLAATATA AAAATTCTTT	3960
	CAAGTTTAAA AATTAGCAT CATGTGATTT TAGCCATTTT ATTTGAGATT CAAATTGTGA	4020
	TTGACTAACA CTATAATTTT TAATTTCTTT ACTACTAGAA AAGAAGTAAA TAAAATTATT	4080
40	CAGAAAATTC GCTTTTCTTA CACGGTGATA ATTTAATGCC AGAGCACTAT TTTCTTTATA	4140
	TTTCAGTTTT TTAGGTGAAT CGTCATCTGC ATTTGCAATA TGATGACCAT CCACTGTGCT	4200
	TACAGGCAAT ATGATCAAGA TACTCAACAC TAAAATTATA AATTTTCTAT ACTTCACGAT	4260
45	TCTCTTCCTC TCTGCCATTT TTGAATCAAT ATGCTAATTG TAAAAAATAC AAAAATGATA	4320
	ATCGCGAAAA TGCCCATAGT TTCAAATATA TCTAAAATTT CAGTATTTTC AATGTTTAAA	4380
50	GCAACACGTA TTGTATTGAT ACTTTCGTCA TGAATTTCAA ATATAGTACC AATATAAACG	4440
	AGTAGAACAA CTAAACAATA TATCCAAAAG ACACAAGATA TAGCGATAAG TGCTGTTTCT	4500

	TTGCGTAACC ACCTTTCTTA CGTTTTAATG CTTTTGGAAA TGCGACAAGA ACTACTGCTG	4620
	CGTTAATAAT CCAGTATACT GTCGGATACC AACTTACAAA TATGAGTCCA GCCATATTCT	4680
5	TTTTCTCGTA GCGACTATCA ATAAAGAGTG CGACTGTAAA TTGAATAACG TTTATAAAAG	4740
	TCATAGTAAA TGATGATAGT AGAAATATTG AAAAATAATA TGTCATAAAT GTATAGTCTA	4800
	AGAAGTTTGC TGTATGAAC AAATAGCCTA AATATAGAAG CACTATATAT ACCCATAAAA	4860
10	TCGAGATGAT TTGCTCAAAC ATCAAAATAT ATAAAGGAAA CCTTTTCGTT TTCATTGTGC	4920
	TAAAAAAGTC TCGTAGTAAT ACTTCGTGTC CCCCTTGAGC CCATCTCAGC CGTTGCTTCC	4980
	AAAGACCTCC CAATGTTTCT GGAACCAACA TCCAACACAT GGCAAGCGGT TCATACTTAA	5040
15	TACGATATCC ACGTAAATGC AATTTCCAAG AAAGTCAAT ATCTTCGGTA ATCATATCAG	5100
	TATCCAGTA GCCAACGTCG ACAACTGCAC TTTTTTTAAA TAGAGTGAAG ACACCCGAAA	5160
20	TAGTATTGAC TGCGCCAGCA AGTGTCTGAC TCGCTTAAT ACAGCCAATT AAAGTGCAT	5220
	ATTCTATCGT TTGAATTTTA CCTAAAATAG AACTCTTATT TCGAATTCTA GGATTACCTG	5280
	TAAGTGCACC AAGTTTGGGA TCATGTTTGA AATTCTCAAT CATATAATAT GGTGCATCTT	5340
25	GATCAACGAT AGTATCTGCA TCCAAGCACA TTACATAATC ATATGAAGCC TGTTTAATGC	5400
	CTTGATTGAG TCGTTGGCT TTACCTCTGT TTTCTGTAA ATCGACGAAA ATAAAGTCAT	5460
	TATTTCTTTT GATTTTATAG ATGAGTTCTG CTGTATTATC TGAAGTTCCA TCATTAATGA	5520
30	TAATAATTTT TTTCTTCTCG TATTTGAGTG CAAGAACATT AGACAACGTA TCTTCAATCG	5580
	TTTCACTTTT GTTATAACAG GCAAGTAAAA ATGTAATGCC TTCTAATTCA TCCACATTTA	5640
	TGTCAGGCTT CTGTTCAAT GAATATCTAA TTTCTCTGGT AAAATAGAAA TAAATTGAAC	5700
35	CGACAATCCA GTAAATAGAC ATAAATACAG GATAAAAAAG CAAAAAGTTA AAAAATTGCA	5760
	ATTTCTTTAC CTACCTTTTC TTAGTTAGGT TGTAAGCCAT ATGTAATTG ATAGTATTTT	5820
	AATTGCAAT AGATTGTTGT TATAATTAAA CGGAAATATT TGTAATTGCA ACTTAATTTT	5880
40	CCTGTAACAT AGTGTGATTA ATTTTCAGTA GGGGGTTATA AAAATTGAAG GATAAGATTA	5940
	TTGATAACGC AATAACCTTA TTTTCAGAGA AGGGGTATGA CGGTACAACA CTTGATGATA	6000
45	TAGCTAAAAG TGTAATATA AAGAAAGCGA GTTTATATTA CCATTTTGAC TCGAAAAAAA	6060
	GTATTTACGA ACAAAGTGTT AAATGTTGTT TTGATTACCT TAATAATATT ATTATGATGA	6120
	ATCAAAATAA ATCGAACTAT TCAATTGATG CTTTATATCA ATTCTTATTT GAGTTTATTT	6180
50	TCGACATCGA AGAAAGGTAT ATTAGAATGT ACGTTCAATT ATCTAATACG CCTGAGGAAT	6240
	TTTCTGAAA TATTTACGGA CAAATACAAG ATTTAAATCA ATCATTAAAGT AAAGAGATAG	6300

55

TGCTGTTTCT TGAAAGTTGG TATTTGAAAG CATCCTTTTC GCAAAAATTT GGAGCAGTGG 6420
 AAGAAAGTAA AAGTCAATTC AAAGATGAAG TGTATTCGCT ACTAAATATA TTTTGAAGA 6480
 5 AATAATTTTT GTTACTAGTT TGTAATAATT AACTTACTTT TGTAAAAAA GACATGAGAT 6540
 TATTTTTTTA AATCTATATA AAGTTGACAA TACAAATCGA TATTGAGAAT ATTAAGATGT 6600
 ATATGAATTT TATAAATTAA ATGCAATACA TTAATATAAA TATCAATTGT TGCAAAATAC 6660
 10 GATTTGTTCA ATGATTTGAT AATATTATTC TTTATATTTG TGAATGGTTA AGTTTGTCTT 6720
 TGAACATATT ATAAAAGTGT AATGTTCCCC TGAAAAGAAT AAGTTGTCAT CTAATTACAG 6780
 15 GAAATCCGCA TAAATTAGAT GAAATGGAAA GTAATAAGTA ATAATTTATT GATAAGCGCC 6840
 TATGTGATGG TAAATCATGA CATAGGCGCT TTTTTTTATA AGTTAAAAAT GTAAATAAAA 6900
 ATTATATAAA TTACCCACAT CTTTTTAAAA GGTGTGGGCT TTATTATCAT TAACCCAACT 6960
 20 CACAGTGACG GGTTACGCAA GGTATTGAAT TACCGAGTAC GGCACGCTC GGTGTTGTAA 7020
 AGAGCAAATA ATCAAGTAAT GATGATGCTT CTA CTGATT ATAAGAAAGC CATGATAGAG 7080
 TACGATGGTA TCTAGTTTTA TTATTAATAG GTTTGGATAT TTAAAGTTGG ACAATATTAT 7140
 25 ATCTTGTGCA AAAATATAAA TAAGTTATAC ATAATGGTAG AGAATCATGA TATAATTTTA 7200
 AACGATAAAA TATTTATATA AATAATTAGA GAAAATGTAG TTGTGTATGT TTGTGGTCCG 7260
 TTAAACTAGA TATAATTGTC CGATTTATAA AACATACATA ATGAATACaa TGATTGATTa 7320
 30 TGTGGAGGAA ACCATGAmAG AmAAGTTTgA TTTAGTAAAA CTATTAAATA TTCTAAAGAA 7380
 GAATATTAAA TTATTGCTTA TTTTACCGGC AATATGTCTT GTAGTAAGTG 7430

35 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 261:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 4082 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 40 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 261:

45 ATTGTTACTC ATTATTTTTT CATATTCACA CAAATGATCT TGTTTATATT TAGCTAATTG 60
 ATTTTATCT AGCATTTTAT CCTCCTGCTG AGTTTGTAAC CTTTAATAAT TTATTTTCTA 120
 50 TAAAACTTA GTATTCCAGT TGCTTATTAT ATCATTGATG AAAGGCTGAA ATAAAAATA 180
 AACTGTTCCG ACCATTAACG CTGTAGCTAA AGATAAGTCT ACAAGTCCAC CTGTTTTAAA 240
 TTGAATCGGT GTCTTCACAT TAAACGGTAA gGAKnAAAAT AATTCACGC CTTTGGTGT 300

55

	AGGCGTCTGA ATAATTTGCA ATAAAAATGC TATGATTGCG ATAAATAATA TTGAATGCGT	420
	AAAGGTTCTGA TGTCCAAAGA TCAATCTCAC AAAAAAACTA ATTACCTTAA ACCTTCTGCC	480
5	AATCTTACTT TGAGTGTGAC ATATATCGGG TAATAAGCTA GCTAGACTTG CTAGAATGAT	540
	AACCGTAACC GACGAAAAAA TATCCGTTTG AAAATATTGT GTTGTTAGCG CTCCAACGAG	600
	CATGCCGCAT GAAGCATGTG TTTTACCTGT CATATTTGTT CTCCTTTAAT ACTCACATTT	660
10	TACCACATCC CTAACAAAAA CACGAACATA TTTTCGGGTT AAAATTCATT AGTATGACAC	720
	AATTTAAAAA AGTATCACAT AACTCTTGAA AACGATTACA AAATCGTTTA TGATGTATTT	780
15	ACAAAATATT TAAAGGATGT GTTTGAATAA TGGCAATGAC AGTAAAAAG GATAATAATG	840
	AAGTGCGTAT TCAATGGAGA GTTGCTGATA TCAAAATTCC TACAAGTGAA ATTAAAAATA	900
	TTACACAAGA CCAAGATATT CATGCAGTTC CTAAATTAGA CAGCAAAGAT GTATCTAGAA	960
20	TCGGCTCAAC GTTTGGTAAA ACGAATCGCG TTATTATCGA TACTGAAGAC CACGAATACA	1020
	TTATTTATAC TCAAAATGAT CAAAAGGTTT ACAATGAATT AACTAAATAA ATTGTATAAA	1080
	AAATCATTC ATGGTGAGGG CTTTCATGAAT GATTTTTTTTA ATTGATTCAA CACCCAGCAT	1140
25	AAACAAATAC AAAAGGACAA CTGTTCCCAT AATTTTAACA GTTGTCCTTT TTCACATATA	1200
	TTTATAACAA AAGATGTGCC ATCAAAGAAA TAATTGGTAG TGTAATGATT GTTCTAATCA	1260
	AGAAAATCAT AAACAATTTG CCGATGCTTA CAGGAATCTT CGAACCAAGT ATGACGCCAC	1320
30	CTACTTCAGA CAAGTATATT AACTGCGATA TACTAAGTGC CCCAATAACA AAACGAGTTA	1380
	TATCATTTTG TACACCTTCA ATTAATATAG AAGGTAAAAA CATATCGGCA AAACCGATAA	1440
35	TAATCGTTTG AGAAGCCTGT GCCGCTTCAG GTATTTGCAT TAACTCTAAA AATGGAACAA	1500
	AAGGTTTACC CAATATGACA AAAAAGGGCG TGTAGTTCGC AATAATGGTA GCAATAGTAC	1560
	CAATCTCAT TACTACAGGC AAAATAACAA ACCACATATC AATGACTGTT TTTAATCCTG	1620
40	ACTTAAAAAA GTCAATAACG CCCGGTGCTT TAATACCTAC TTCTGTTGCA GTATCAAAGC	1680
	CATGTCTCAA TGCCGTCTTT CTTTCTGGCA ATGCCTCAGT ACGCGCACTT TCAGGTACCT	1740
	CCTTAGCATA CTCATCAGGA ATTTTATTTA AAGGCCAAAT TCTTGGCATA ATGACTGCTG	1800
45	CAACGAGGCA GGATACTATC ACTGATAAAT AGAAAGCAAA AAATTGATTT TGCATGTGCA	1860
	CTGTTTCAGC AACTACAATT GCAAAGGTGA TAGAACTAC ACTAAATGTC GTTGAAATAA	1920
	CTGTTGCCTC ACGACGAGAA TAATATCCTT CACCATATTG TCTACTTGTA ATTAAGACAC	1980
50	CAACAGTCC GTCTCCAATA AATGATGCTA AATTATCTAC CGTCGAACGT CCTGGCAATG	2040
	TAAATAAAGG TCTCATAACC GGTCTAAAAA TAGGACCCAA CATCTCTAAC AAACCGTATT	2100

55

	AAC TTGAGAA CAATAATCCA CCCGTTTCAT CTGAGTAAAT AACCTTTGAA CCAATTGCGTA	2220
	AAAATGTCAT CCATGCAAAA ACAACTGCTA ATATTCGTAA AATTAACCAA CCAATTCTAA	2280
5	CGTTAAAAGC ATTGTTCAATT AGCCCGTCAG GTTTC AATTT ATCTTTTAAA ATAGTTGAAC	2340
	AAATCAGAGT TATGATACCC GATAAAGTAA TTATCGTCAC AATTAAAAAT GGCATTACGC	2400
	CACCTAATAC ATCTTTAAGC ACGCCTGCTA AAAATGCCAC GGGCAACGTT GTTGTCTTCT	2460
10	GTCCATCTTG TTCGACTGGA ATTGGTACTA AAAATAATAA GATACCAATT AAAGACATCG	2520
	TAATAAACTT AAGTCTCCCA ATAAC TATCT CTTTCCTTGA AAAGCTATCC ATAAAATCAA	2580
15	TCCATTCTC TATGTATTCTG TTTTAAGTAT ATACAGAATT CTATTCAGTT AACAAACATA	2640
	TTCCTTATCA TTCTATCTTT CAAAATGTTT ATGTATGCAA AATAATGAAT AATTACAGTT	2700
	ATTAAATATA CGCTATTTCT TGTAATTTTT CAAGATGAAT TCAAAAAAGG TTAAGTACAA	2760
20	TTACTGATTT CGTACTTAAC CTTTTTTAAA CTCTAATCAT ATGTTAGTTA TTTCAATTCTT	2820
	CGTAATAATA TTAAGAAGTA TGGTGCACCG ATAATTGCAA TGATAACCCC AACAGGAATA	2880
	TCCAGTGGCG GATGAATGCC ACGGGCTAAA CCATCTCCAA ATGTTAACAA TATAGCACCA	2940
25	ATTAACCCCG ACATGATAAT AACGTGTAAT GTTTTATTTT CTATTAATTG TCTCGCAATA	3000
	TGAGGTGCAA TTAATCCTAA AAAGCTAATA CCACCGACAA CTGAAATTGC GGATCCTGCT	3060
	AATATTACTG CTAAAATTAA CAATAGCATT TTAATAGTTT TAACTTTTAA ACCGAGTGCG	3120
30	GTTGCAACAG CATCACCTAG ATTCAATACA TCTAATTGAT AACTCAATAA AATGATGATT	3180
	GGTATCGTTA TTAAAAACCA AGGTAATATA GTATAAATAT TCGACATATC ATGTCCATAT	3240
35	AGACTACCTG TCAACCAAAC AAGCGCTTTG TTTGCTTCCA GTGGATTTCT GATTAATAAG	3300
	AAC TGCAAA TCGCCGTACA TATTGCGCCT ATTGCTAAAC CAATTAAGGC AAGCTTTGAA	3360
	CCTTTAACAT CATATTTTGA AATTAAAAAT GATAAAAATA AACTTACTGC AAAGGCACCT	3420
40	AAGAATGAAC CTATAGGTAA TACAAACAAT GGTGCTGTTG GAAAGGTCAT AATAATAATC	3480
	ACAGCAGCTA AACTGGCACC TTTAGAAATA CCTATAACAT CAGGTGAGGC TAACGGGTTT	3540
	CTTATTACAG CTTGTATAAT TGCACCTGAA ATAGCCAAGC TACTACCGAT AATAATACCA	3600
45	AGTAATGTTT TAGGTATACG ATACTCATT AAAATAAAAT CATCTTGTGT AAAGATTCCC	3660
	TTAATAGCAT CAATCGGATG AATCATGACA GACCCTACAC ATAAACTTAT GAATATACTC	3720
	ACAATTAAAA GGATTGTGAT TAAACTATAA CGACGTATAA TTTTCGTTGT CATCATATTC	3780
50	TTTTCACCCC TTTAATCGTT ATAAATAAGA AGTAAAGTGC ACCTACGAAT GATGTAACAA	3840
	TCCCTACTGG TGATTCATAA GGATATGTAA TTAAACGACT TAATACATCT GATAGTAGTA	3900
55		

AGCGTTTGAC TATATGCGGT ACGATTAAGC CAACAAATCC AATTGGTCCT GCCACTGACA 4020
 CCGACATACC TGTAAGAATA ATGACTAATA GTCCAATGAT AATTCTAACT TTATTATAT 4080
 5 TT 4082

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 262:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1145 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 262:

TATTAGAAGG TCGTTCGGAT GAACAATTAA AAAATTTAGT TAGCGAAGTA ACTGACGCCG 60
 20 TAGAAAAAAC AACGGGGGCA AATAGACAAG CAATTCACGT TGTATAGAA GAAATGAAAC 120
 CAAACCATTA TGGTGTGGCT GGCCTAAGAA AGTCAGATCA ATAATCTTC ATAAGATGCA 180
 TGCCAATTAA TTCTTTGAAA ACGAACAAGG CGACTTCTAT CTGaGTATGA TAGAAATCGC 240
 25 CTTGTTTATT TTTAATCTTC ATCTAAAAG TCTTAAATAG CTTGTTTATT TGTGTTTTTA 300
 TTAATCTGTA ATGCACTACC ATCAGTATTT GTATTGACAT CγTCGTATGA GTTCTTGATT 360
 GGCαCAGTCA ATGACTTAAC ATCTTTTTCA CCTCGGATAC CaAAACTCAA ACCTGTTTGG 420
 30 AAAATCCCTG AATCAGGAAT GTTGTATTTC ACATAGCCTC TTAAATACC TGCAACTTTT 480
 GGTAATTTAA CAACTGTTCT AAAATTAACC ATTCTTTTTT TCAATGTTTG CATCACTTGT 540
 35 TGCTGACGTC GCACGCGTCC GAAGTCACCT TCAGGGTCGT GACGGAATCT TGCATAACCA 600
 AGTAATCTT TACCATTCAA CCTATGGTTA CCCTTTTTCA AAGATACACC AATATTTTTT 660
 GACATATCTT TTTGACATT AATTGGTACA CCTTCAGGCA TTAATTCATC AATCATTTTC 720
 40 TCAATCCAG TAAATCAAC TACTGCATAA TATTCAGGAT TAATCCTAA ATTTTATCA 780
 AGTGTTTTTT TAAGTAGCTC TGGACCACCT AAAGCGTATG CTGAATTAAT TTTGTGTTTT 840
 CCATATCCTG GAATATCTGC ATAAATATCA CGCATGACAG ACATCATTTT CATCTTTTTA 900
 45 TTGATAAAGT CATATTGAAC AACCATGATA GAATCTGTTT TTGATTGTCC ACCTGTGTCT 960
 TTATCTGCAC CGAGTACAAG AATAGAAATT nTACCATCAT TTTTACTGG TCCATTAAAT 1020
 50 TGATGTACTT TAACATCTTT CGCATGTTTC TTGGCATATT CTACACCGCT ATTGTAACTA 1080
 TGTACAATAT ATACAACTAA TGCCGATAAG TAAAATTACA ACAATCAGAA GAATGATAGG 1140
 TAATT 1145

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 7075 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 263:

10	TATGGCTCAT CATTAAATGCA CGTATCGGGT AGCGTTTACC ATTGATAAGT GCTTCATGTT	60
	TAGCACGAGT TCTTAAAATT CCATCGCCAT AACCGATATC AACTACAGCT AATTTTGTAT	120
15	TGTTTTTAGT CACTTCAAAG GCAAAGCTAT AACCGCAATA ATCACCAGCT TGTACTTCGC	180
	GCACTTGAAT AACATGTGCT TTAAAGTTA ATGACTGAAC TATATCATGT TGATTCAGTG	240
	AACTATATGG TCTTGAACCG TATAACGCAA TACCTACAG CGCATGTGTA TGGTGGGGTA	300
20	GTAATayyyg TCCTTCCCGA TAAAACTCG CACTATTTTG AGCATGGATT AGGTGGAAGT	360
	GATAACCTTC AGATAAAAGT GCTTCAACAA TTTCCATCCA TTGTGAACGT TCAACATTAT	420
	AAtCTGACAC ATCGAATTCA TCAGCATATC CAAAATGGGk CCATAAACCA CTAATAATCA	480
25	TTTTTGCAAT TTGATTATGA TGGTGATCTT TCAATACTTC TTTAATTTTC TTTAAATCTT	540
	TAAATCCAGA CCGATGTAAT AAATTTTCAA ATTCTAAGTG AACATGAATA CCAGCTAAAT	600
	CATTTTTATG GTTATAGTAA TATGTCAACG ACGGCAAAGT CATGTGTATT TGATGTTTAC	660
30	GGACTAAATC AAACCTCGTAA ACTGCATTCA TAAAAAGAT TGTTGCATCT GGAGCAAGTT	720
	GTCTAATTTG AATTGCTTCT CGTAGTGATG TTGTGCTAAA TGTATCTATA CCTGCATGGA	780
35	TAAACTGAGT TACAGCAAAT TCTAGGTCAT AGTGATATGC ATTaTTTTTA ACAACTGCCA	840
	TTAATGGCTG ATTGTTTTTG ACTGTGATTG CATTTTGTAA AAATATTTTC TTATTTACAG	900
	ACCAATGTTG TGTCAATGTA TTACACCTCT TTGTAATTAT TTAATAAATT TTCGTAAAAA	960
40	TTAACCACGT TTATTAACAC TTTTTCATCA AAATTTAAAT GTGATGTGTG CAAACCAGTT	1020
	ACAAAACCTT TATCTTCATT TCGTGTTCCT ATAAAAACAA AGTAAGCTGG AGCTAGTTGT	1080
	TGACCATAAA AACTAAAATC TTCCCCAAAT AAGAATGGCG TTGGTTTGTC ATAGACATTT	1140
45	AAATCAGCTT TTATTAAGGC GTCCTCTATT TGAGTACGTA ATTTCCGACT ATTGATTGTA	1200
	GGGGGATAAC CTTCTGCAAA TTAACTTCA CAATCTACAT TAAACAGAAG CTTGACACTT	1260
	TCTGCTATCT TGTGCATTTG ATTTTAAACG ATTGTAAAT CATCAATATC ATATGTACGA	1320
50	ATAGTACCTT CTAAATAGCC ATTACTTGGT ACAGTGTTAA TCGCTTCACC AGCTTTAAAA	1380
	TGACCAATAT GAACAATATT TCGTTTCAAA CCGTTAAGGT GAAATTGTTG AATTTGTGAT	1440

	ACATGACTTG ACAGGCCTGT TAAGAAAAAG CGATACTCTG TTGCGCTGGC CGTAATTTCT	1560
	TCATCTCTTA TCACTGCAAT GCCTTCATCA GCAAATGGGT TAACATGAAT ACCAAATACC	1620
5	GCTTCAATTG GATACTTATC AAAGGCACCG GCTTTTATTA ATCGATTTC ACCGCCACCA	1680
	GTTTCTTCTG CAGGTTGGAA AATGAAAACG ACATTTTGCG GTAATTGACC TGCATCTTGC	1740
10	ATGTCTTTGC AACGTTGTAC AAAAGCATT AATGCAGTTG TATGACCATC ATGTCCACAA	1800
	GCATGCATCA CATGATCAGA TTGACTGCGA TAAGGCACAT CATTTCCTC TAAAATAGGT	1860
	AACGCATCAA TATCAGCTCT ATACGCTATC GTATGTGAGC CATTACCTC TAAGTATGCA	1920
15	ATGACGCCAG TTTCCAATGG GCAATCGTAT TTAATATTTA AACTATCTAA AAACGCTTTA	1980
	ATATAAGCAG TTGTTTCAAA TTCATGTAAG CTTAATTCAG GATGTTGATG TAAATGACGG	2040
	CGATGTTTCG TAACAAATTC TAATTCATTC ATAATTATCA ATCCTTTGTG TTAAATTACT	2100
20	ATATAAATAG TGTAACGtAT TTCGAAATTT GTGATCATAA GTTTATTCAA TGCTAAACAA	2160
	TAAGGTTGAG ACATAATCGT ATCTCAACCT TGAAATTATT ATACGTTGAC GTCAGTAGTC	2220
	ATTCAGTTTT CTTAATGCTG CTACAATCTC TTTTITAGTA TCTTGACTT CAGAAGCTTG	2280
25	CTTAATCACT TTTGCAAGTG TACCAGCAAC AACTGCACCA GCTGGTACAT CTTGTGTCAC	2340
	AATCGCGCCA GCTGCAACAA TAGCACCTTT ACCAACACGT ACACCTTCTA AAATAACTGC	2400
30	ATTTGCACCG ATTAATACAT CATCCTCGAT TATAACCGGT GAAGCACTAG GGGGTTCAAT	2460
	CACACCTGCT AATACTGCGC CAGCCCcTAC ATGTACATTT TTACCAGTTG TAGCACGACC	2520
	ACCGAGAGTA GCATTCATAT CAATCATTGT ACCTTCGCCA ACGACTGCGC CAATATTAAAT	2580
35	TGTTGCGCCC ATCATAACGA CAGCACCATC TTCAATAATG GCTTGTCTC TAATAAACGC	2640
	ACCTGGTTCA ATTCGTGCAT TCGTATTTGT TAAGTCTTTT AATGGAATAG CAGAATTGCG	2700
	ACGATCCATT TCAATTTCTA TATCTTCGAA TTGACTACCA TATGCTTCGT AAAAAGGTTT	2760
40	CCAATCATCC GCTTCACAAA AGATTACTTT AGATTGTTCT GAACCAAATA CTTTAAAACT	2820
	TTCTGGATAT GTGATGCTT CAAAATTACC ATTTAAATAT ACTTTTATTG GTGTAGACTT	2880
	TTTAGCATCA CTTATATATT GAATAATTTT TTCAGCTGTT AAATGTTGTA CCATAAAATA	2940
45	ATCGATCTCC TTTAATATGT TTATAAGTTG TCAAACGTAT AAAAGCCGTT TGGTTTATTA	3000
	ACTAAGCGTT CTGCTGCTTG TATTGCACCA TTCGCAAAAA TATCTTTTGA TTGTGCACGA	3060
50	TGCGTGATTT GAATCGTTTC ATCAGTGCCA GCAAATAGAA CTTCATGTTC ACCGACAATC	3120
	GTACCTCCAC GAATAGAATG TATACCAATA TCTTGTGGCT GGCCTTTTTC ATTTAATTCA	3180
	TGTCTATCAT ACACAGGTGT TACATTTTCT TTCAAAGATA CGATCACATC ATACAATTTT	3240

55

TCGAAATCAT CAAGTAGGGG AACAGCAGCT GCTAAAATTT TAGTCAATGC ATGAACGCCA 3360
 TAACTCATGT TCGCGCTGAA AAACACAGGC ATATTTTGAC TCAATTCATC TAACTTATTA 3420
 5 AGTAGTTTTT CTTTCTCGnC CAGTgTTGCC ACAACTAATG GCAAATGAAA ATCTTCATCT 3480
 AATAAAGGGA AAAGCAGATT TGGATTTGAA AAATCTATTG CAACATCGGC ACCTTTAACA 3540
 TCTGCAATAT GTTGATATTG TTGATATGGC GTTGTGCTT TCGGTGTATT TTCAATGACC 3600
 10 CCAACGATTT CATGTCCTTT TTCTTCTGCT AATCTAGCAA CGCGTTGATT CATGCGCCA 3660
 TAGCCAATTA GTAATATTTT CACTCATTTT CACCCGCTTT AAATGTGTCA TATGTTTCAC 3720
 GAAGCACTTT AGTATCTGTA TCTTCTAGGC TAACCAATGG TAGACGTAAT TCATAATTTT 3780
 15 CAAATCCTAA ATAACCTGTT AGAGCTTTAA TAGGAATTGG GTTAATATCA ACTGATAAAG 3840
 CTGATAACAG TGTGCCGATT GGTTTAAATT GATCTTGAAT ATCTAATCCA CTTTGTGAG 3900
 20 CATCGTATAA CGCTTGAAAT TCTTTAGGAA TGACATTGGC AATAACAGAG ATAACCCCTT 3960
 GACCGCCACG TTGATAGTAT TCGACGACGT TGTCATCATT GCCACTATAT AATGCAAATG 4020
 AATTTGTATC AATGCGCTTT TTCACTTCTT CTAAATACTC AAAATCATTC GTAGCATCTT 4080
 25 TTAAAGCAAC TATATAAGGA TGTGACTTA ATATTTCTAC AGTTTCTGGT TCAATTGTCA 4140
 TGTTGTTCT TGAAGGAACA TTGTACAGCA CGACTGGTAA TTTCACAGCA TCTGCAATCG 4200
 CTTCAAAGTG TTTGACTAAA CCACGTTGGT TCGTTTTGTT GTAGTAGGGC GTAATTAACA 4260
 30 TAATTGCATC AGCCCCCTAAG GCTTTAGCTT GGATTGAAGC TTGGATTGAC TTTTCAGTAT 4320
 CATTAGTGCC AGTTCCTGCT ATGACAGGAA CACGTTTATC TACAAGATCA ATAACCTGTT 4380
 35 TTAGAATGCG TTCTTTTTCA TCTGTTGTTA AAGTAGGGCT CTCAGCAGTA GTTCCATTAA 4440
 CGATGATTGC TTGGGCATTA TTTTCTAGTA AAAAATTAAC GTGTGTTTTT AAAGCTTCAA 4500
 TATTAACCTT GTTATTTGTA AAAGGGGTTG TAAGTGCaAC sCCAACACCC TCAAATAAAT 4560
 40 GTGTCATTTT AATTCGCTCC TTTTAAACGC ATAACCTGTT CCAATACTTG TACAGCATTT 4620
 AATGCAGCAC CTTTTAATAA ATTGTCTGAT GTACACCATA CATGGAAAGT ATTTTCTAAT 4680
 GAATCATCTC TACGTATACG GCCAACAAAC ACTTCATCTT TATTAGTAGA ATTGATTGCC 4740
 45 ATTGGATATT CATTGTTCTC TGGATTGTCT ACTAAAACAA CGCGGTCATC TTGATCAAAT 4800
 AACGCTTTAA TATCTTCTGC TGTGTTTCT TTGTCAAGCG TTACATCAAT TTCAACACTA 4860
 TGAATATCTT GAACAGGCAC ACGTGCGCAT GTTGCTGTTA CTTTTAAGTC TGGCGCATTT 4920
 50 AAAATTTTTT TCGTCTCATC AATCATTTTT TGTCTTCTT TTGTATATCC GTTTTCTAAA 4980
 AACACATCAA TATGCGGTAA CACATTATTA TAAATTGGAT GTGGATATGC TTCTGGTGCT 5040

55

	TGATATGTTG	TATATGCCAC	TCGTTTTTAA	CCATAAGCAT	CTTGCAATAC	TTTTAGAGGT	5160
	ACAACAGATT	GAATCGTAGA	GCAGTTTGGA	TTGGCAATGA	TACCTCTTGT	AAATGTAGGT	5220
5	TCATTGACTT	CCGGAACGAT	TAAATCAATA	TCTTCTGCCA	TACGCCATTG	ACTTGAATTG	5280
	TCTATAACGA	TTGCACCAGC	TTTTTCAAAA	AGTGGGGCAA	AGTGTTCGCT	TGTACCGCCA	5340
10	CCAGCACTCA	TTAATACATA	ATCGAAATGT	TCACTTGCAC	GAGCATCAGT	TAATTCTTGA	5400
	ACTGTATATG	TTTTTCCTTG	AAATTCAACT	TCTTGCCCTG	CAGAACGTGC	TGATGAAAAT	5460
	AATACTAATT	CATCGAAAGG	AATATTTTTA	CGATTTAATG	TCTCCAACAT	TTTTGTACCT	5520
15	ACTAATCCTG	TTGCACCCAC	AACTGCTAAC	TTTGTCTATA	CTTGTCACCTC	CATTTTATAA	5580
	TAATTTCCaA	TTTTTAGAAT	ATTTTAACAA	TCATTTTACC	ATTAAATGTT	AAATGCGTCA	5640
	TATAGTTTTT	CTACCGCTTG	TTGCCCATTA	AAATCATCAA	TGACGTATGA	AATACTTATT	5700
20	TCAGATGTTG	TTGTTTGGTA	GAAAGGTATA	TTATTTTCAA	TTAATGTCAA	AAATGCTTTT	5760
	GATGCCACAC	CTGACATATC	ACGCATGCCT	GAGCCAATTA	ATGAAATTTT	GACATAATGC	5820
	TCATTGATTT	TATAAGCTAA	TGCTTCATAT	TGATTCCTTA	ATGTTTCAAG	AATCATAGAA	5880
25	ATTTGATGAA	AATCACTATC	TTTAATCGTG	AAGGATAGTT	GTAGCCCATC	CAAGTTGACG	5940
	ATTTGTGAAA	TCATATCAAC	ATTTACAGCA	CCTTCTTCAA	GTTCCGTAAA	TAGTTGGGTA	6000
30	AGTAGCTGAT	TGTCAGGTAG	GGGATAACTA	ATTGTTACAT	GCATCATATG	TTTATCCAAA	6060
	GCCACACCAG	TAAGTGCTTT	TTTCTCTAAT	ATTTCTTCAT	TTGACATAAT	CCATGTTCCCT	6120
	TTCACGTTTC	ATAAAGTTTT	TCCTAAATAT	AAAGGGATAT	TATAGTTTTT	AGCTAATTCA	6180
35	ACACTTCTTG	TTTCAAGTAC	ACCAGCACCT	AAAGCGCTCA	TTTCCATCAT	TTCTTCATAT	6240
	GAGACGATGT	CTAGTCGTTT	AGCCTTTGGT	AAAAGTCTTG	GGTCAGTGGC	ATACACACCA	6300
	TCAACGTCGG	TATAAATTTT	ACAAGGTATT	TGATTACTAA	CAGCAAGTGC	CACAGCGGTC	6360
40	GTATCAGAAC	CACCTCTGCC	TAAAGTTGTT	AATTCCTGAT	GTTCAATGAT	GCCTTGAAAT	6420
	CCAGCAACTA	CTAAAATATC	GTTTTCTTGA	AAGGCTTGTT	CAAATGTTTG	AGGATTAATT	6480
	TGAGCAATTT	TACTTTTTTAA	ATGATGGCCA	ATGGTTTTAA	TACCCGCTTG	ATAGCCAGTC	6540
45	ATTGCTTTGG	CATTCATACC	GATATCATTT	AATACCATTG	ATAAATAAGA	TACAGTTTGT	6600
	TGCTCTCCGG	TTGTCAATAA	TAATGCCAGT	TCTTGTGTGT	TTGGTGCTTT	AGTCAAGGTT	6660
	GATACATTTC	TCATTAATTG	ATCTGTTGTG	TTACCCATAG	CACTTACAAC	GACAATTAAa	6720
50	TTGTTTCATCT	TGATTGACTC	GCTCCTTTAA	CATTTAGCG	ATCCTTTTTA	TTTTTGTAaa	6780
	ATCACTGACG	GATGATCCGC	CAAATTTCAA	CACACTTCTT	GTTACCATAT	AATCCTCCTA	6840
55							

TAATCTATAT ACAAGTGATG CACTCCATTA TTTTAAATA ATGACAACT CTCAGCTCTT 6960
 AACCAAAAAG TCCAACAAAT TATACTGCT ATTATAATTG CTTCCGGCATC GCACCCTTTC 7020
 5 AAATTTAGCT GTTAGCAGAC AGTAATCTAA ACTTTACTCA TGATTGATGC GCCTC 7075

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 264:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 5171 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 264:

AGACGTACTT TGTGATTmCG AAGyrCGTAC TGmAGCACTT GTCGACGTTG ATGTACTTGT 60
 20 TGAACCTGAT TGACTAGTAC TTTGTGATAA TGACTTACTA TCAGAATCAG ATGTACTTTG 120
 TGAATCACTT AATGATTCTG ATGTACTACC TGACTGAGAC GTGCTCATTG AACTACTTAC 180
 GGACATTGAT TTAGTGTCTG ATGCAGATAA TGACCCACTT GTAGTGATAG AGTCACTTAC 240
 25 TATCTCTGAA GTACTCATCG AGTCTGATGT ACTTGTGAG ACACTTTGTG ATGCTGCTAT 300
 GCTTAGTGAT CCAGAAACAG AACCCTTGT GCTCGTCGAA TCGCTCAATG ATTCTGATGT 360
 ACTCATCGAT TTTGAATCAC TTGTACTTAA TGATATTGAT GTACTTTGTG AATCTGATTT 420
 30 GCTTGTGAC GCACTTTGAG AGTTGGCTAT GCTATTTGAA ATACTGATAG AGTCCGAGGT 480
 GCTAGCTGAC TCGCTCAATG ATGTTGATGT ACTAATTGCA TTCGATGTAC TGTCACTTAA 540
 35 TGATGCTGAT GTACTAGACG ACCCTGATAT ACTCGTTGAT AAGCTTTGTG ACTTAGACAA 600
 GCTTCCTGAT GTACTCATAC TTAATGAGTC ACTGAGTGAT GTTGATGTAC GCAATGAATC 660
 AGATSTACTT GTTGATAGAC TTTCCGATTT TTCAGTACTG CTAGAGTTTG AAATAGAATC 720
 40 GCTTAATGAT GTTGATTTAC TAGCTGAATC CGACATGCTT GATGATACAC TTTGTGAATT 780
 CACTAAACTT GTGCTTGTG AGCTTGATAC ACTATTACTT TCAGATGTGC TTAATGACTT 840
 AGATGCACCT ACAGAATCAG ATAGGCTTAC ACTTGTGAT TTCGAGGTAC TAGCTGATGT 900
 45 AGATACCACA ATCGATCCTG ATGTACTCGT TGATGCACCT TGTGAGTCAG CTTTACTTGT 960
 TGACACACTT TGAGATTGTT GTGTACTTCC TGATGTTGAT ACGGAATCAC TCATGCTATT 1020
 TCTTGTTACT TCATATTTAA AAGTTGTCGT CGTTTTGTTA CCGCTCGCAT CTGTAGAAAC 1080
 50 GATTGATATA GTACTTGTAC CAATGTTTGT TGGTGTACCA CTAATAGTAT TATTTGTACT 1140

ATCAAATGTT AGTCCGGATG GCAATCCAGT CACTGTATTC GTCACCGCAT TTCCACTGTT 1200

	ATTGGTGTCA CTGTTGGTGC TGTCGTATCC ACAACATTTA TTGTAAGT TGTCGTGAT	1320
	TTGTTATTG CTGGTCAGT AGACACAAC GTCAGTTG ATTGACCAAT TTTGTTGGT	1380
5	GTCCCAATGA TTGAATTCGT TGCACTATCG TAACTTAATC CGCTTGGTAA TCCTGTAAC	1440
	GTATTTGTCA CAGTCCAGT ACCATTATCC GTTGTAGTCA ATACAATAGG ATTCATTGTT	1500
10	TTACCCACTT CTATGGTTG ATTGCCTACA GTTACAGTTG GTGCTTTTAC ATCAGTAAAA	1560
	TAATATGTCA CTGATTGTCC AGCATTCGTC ATTTTACAG TTTTATTGTT ATCATTATAA	1620
	GTTGACGCAT ATGAACTATC GACGGACGTG TAGTTATATC CTTTAGCAGT CAATGCAGAT	1680
15	TGCTGATTAT CGATTGTAC GACTTGATCA ACATTTCTCG AATATGTTTT TGGTGGAATA	1740
	ATATCTTTAC CTGTTGTTAC ATCAACGTAT CTCAGTTG TACAGCAGA CTCTGTATAT	1800
	TCGAATGTTT CAAATTGTAC TTGTTGTAAT TTTGTCGCGC CACCTGTTGA GGCTGTCATT	1860
20	GATAATGAAA AGTTGGTCGT ACCACTTTTC GCAATCCAAT CTGAAATATT ACGTGTCCAT	1920
	GTTTGACCTG CATATTTGAC AGTCATAACC TTTGTATCAC CATTATAGTT AATATCAAAA	1980
	TCTTGGAACG TGTTATTGTT AGGTTGACA TTTAACTTCG CAGCATTATC AGCTGTTGAA	2040
25	CTTGATGTAT ACGTTGTCGC AACACCATAA CTATCTGTTG TTACAAATGC ACCAAACGCA	2100
	CCTCCACCAG CTACATTAGA TGGGTCAGCA TTCGCCTTTG CAGCTGAATT TGGTTTAGAT	2160
30	GTATTGTGAT ACGTATCCAA TTTGAAGCCA AATGCGTTAC TTAAGCCACC AATACCTACT	2220
	GCGGCACCGT TTAACCCTGT TTCACCTAAT ACACCTGGTG AAAAGGCAAA ACCGATACCA	2280
	TCTCCACCAT TTCCATGCCC TTCATATTTG TTACCTAAAT TTAATTTTCC AGAAAAATGA	2340
35	AAACTCTTAT TAGAGTCAAT ACGTGTTCCT AATGTAATAG CACCTTTTGT GCTGTATGCA	2400
	TCCTGTGTTA ACGTCACAAT ACCGGTACTT TGATCATAGG TAGCATTACC TGACGTTGTC	2460
	ATAATTTGTT TTAAGTTATC TTTATTAACT GTAATTGTAT TAGCAGTTAC TGCGGTTGTC	2520
40	GTCGCTGCTG ACGCAAATGT TGACATAGCT AAGCGACTGA AAGTTCGAAG TTTTACTGGT	2580
	GCGGTGCTAG TTGACGTTGT GCTAGTTTGT TTTAAGTTGA CCGAAGATGG CGTTGTGCTT	2640
	TGTGAAGTGT TATTTGATGC AGTACTTTGA TTTGTTGATG TATTAATTGG TTGTTCTGTA	2700
45	CTTGAAGTTG AAGCTACAGA TTTAGTATCA GAACTTGATG TAGTATTCTT TGAGGATGTT	2760
	GATTCTGATG TAGATGTCAA TTTCTCTGTT TGATTGCTTG TACTATTAGT TGTCGAAGTG	2820
50	ACCTTTTCAG ACTTTTCACT TGAGACTGTG TCACTATTTG ATGTTTGTAC CGAACTACTA	2880
	TTTTCGTTA CACTTGTGGA ATCGGCTGTT GATGTTGATG CTTGATTTG CGTTGAGTTT	2940
	TGATTACCTA CTGTTTCACT TTGTGTGTTT AATTCAGAAG TTAATGGTGC ATCAGAAGCC	3000

55

GTTTTCAGTC CGTATCCCGT CATTTTTTTA CTAATGCTTT GATTATCTTG ACTCACTAAA 3120
 CTATGACTAA TAAATGGTAG CCCCATAAATT TTGAACATTT CTATTTCTTT AATTCCGGAT 3180
 5 TTTACCCAAT TTTTTCAGTA TTTATAAAGT CTTACTCTTG TTTTTCGTT TGCTAAGCTG 3240
 TCATGAAATG CTTTCTGTCT TTTACTCATG TAATAACTCC TTGTATTATC TTTACATTCA 3300
 10 TTAGATTATA ATATATGCCA CTATTCAATT TAATACAACCT CTTTTTTGAT AAAAAAATAC 3360
 TCATTTTGTT AAAATTGTA AAAATTCaTT TTTATTCGTC TAAATGTAAT CGTTTTCATA 3420
 TTTTAAAAAT TACTTTTTCT CGTTTATGCG TATAATCTTT TTTTATATAA ATTTGGCTAA 3480
 15 TTGGCTTTAT GTTTAATCAT TATAATTGTT TCGTTTTTAA AATAATTATT GTATTAATAT 3540
 ATCTATACCA TCCACCTTTT ATTTATAAAT AGTTAATTTA CAACTAAACG ATAAATATTA 3600
 TATGCAAAAT ACATCTTTAA TATTAAAGTA ATACCAATAT TTTTCAATA AACCTAGTGT 3660
 20 AATATATGTG TAATTCTAAA AGATTCTTCT TTAATAATAT AAATACCACG ACATATTGCT 3720
 TTAACATTTT CATTTATAAA GCGAAAAAAT GCATCGCTAC TAAGTTGAAT GTTTAGTAAG 3780
 GATGCATTGA ATTCACTAAA ATGATTAAAT TACTTATATC TTTTCATCTG ATTGATTATC 3840
 25 GAAATTTCTT CTTCTAAAC CTGCTAACTC TTCTTTAGAA GCTGCAGGTG CTTTCATTTT 3900
 AAATATCTCA TTCACTACTG TGTAATCGTA ATATCCTAAT CTGGCAATAG GTTTAATCGA 3960
 CTTAATGTCC AATTACCAT TATCAAGAAT AACCTTATCG TCAATATGAA CTTGGGCAAC 4020
 30 TCTTCTATA ACAATATCTA CGGTAGATAC TGGATCTCCA GTTGAATAC GAATCGTTTG 4080
 AACGTACTCA CATTCAAAAT GAACTGGCGA TTCTTTTACA CGATATCCTG GAGCTTCTAT 4140
 35 ACATTTTCC TTTGTTACAC CTGCAAAATT AAATTCATCC TCTTCTGGTG GCAATGCTTT 4200
 CGATGATAAA TTAAGTCTT CTCTTAAATC ATACCTTGCC ATATTCCACA CAAACCAACC 4260
 TGTCTCTTCA GCATTTTCA CTGTATCTTT ACGTTCGTGA TCACCAAGAA CGGATTGATT 4320
 40 TGCTGCGAAC ATAACCATAG GCGGATCCCA AGTTAAGTTT TGATACTGAC TATAAGGCGC 4380
 TAAATTATCT TTCCCATCTT TCGATACAGT AGAGATCCAC CCTATTGGAC GTGGTACTGT 4440
 ACTACTTTTA AATGGGTCGT GCGGTAAACC ATGACTTCTT ACACCTTGTT TTGGCGAATA 4500
 45 ATTCATACTA TCTTCACCCC TTATAAGTAA TTACATTTAA GGTTACGCCC TCTTTACATA 4560
 AGCGTCTAAT ATAAATAAAC AATTTATTTA TAAGTAGAAA CTATATATGA CGTGGTTGCT 4620
 50 TATAATTTGC GTTCTTGATT CGAAAAATTC AGATAAGGAT TTATACAATT AATATTTATG 4680
 ATATCTTTTG TAAATTTAAT TAAATATAGT TACTTCAATC ATGATTAGTT TATAATAATA 4740
 AAGTGAAATT GAAAAAGACA GCTATTATGC GATGAGCGAA AAACCTCAAG TAAAACAAGA 4800

55

TAAGTTCAAA AAAGAATTCA AACCTGTTAT GCACTTAAAA GGTGATGCAT TCAATCAACA 4920
 GTTACAATCT TTGATTAAACA AATATCCACA AATACAAAAA AATATGAAAT CAGAGTTCAT 4980
 5 TGCTTATTAT GATAAAGAAA AAAATAGAGA AACAGTAAAA AACTATGCTT GGAACCTTCA 5040
 AAAATCTATA AATGACATTA TGCAATCATA TCCTAGCACA AAATTTGTAC AGTTTTATAA 5100
 AAGATGATGT TTCCCCGTC AATGGTAGATG GAAATGGCCG TTAAATTCG GGATACTAAT 5160
 10 GTATTTCCAT C 5171

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 265:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3589 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 265:

CTACACACTA AACCTATTTC AGTTATGGGT GGTACAGTGA TTCTCTTTC ATTTTAAATA 60
 25 GGTATTGGA TTGGTCATCC TATTGAAACA GAAATCAAAC CACTTATTAT TGGTGCAT 120
 ATTATGTACG TACTTGGGCT TGTAGATGAT ATCTACGATT TGAAACCGTA TATAAAATTG 180
 GCTGGTCAAA TTGCCGCTGC CTTAGTAGTT GCTTTTATG GTGTGACTAT TGATTTTATT 240
 30 TCGTTGCCAA TGGGTACAAC GATTCATTTT GGATTTCTTA GTATTCCAAT TACTGTGATT 300
 TGGATTGTG CTATTACAAA TGCAATTAAC TTAATTGATG GACTCGATGG TTTGGCGTCG 360
 35 GGTGTTTCKG CAATCGGACT CATTACAATA GGGTTCATTG CAATTTTACA AGCTAATATT 420
 TTCATAACGA TGATTTGTG TGTTTTATTA GGCTCTTTAA TTGGGTTTTT ATTTTACAAT 480
 TTCCATCCTG CCAAATATT TTTAGGTGAT AGTGGGGCTT TAATGATTGG ATTTATCATC 540
 40 GGATTCCTTT CTTTACTCGG ATTCAAAAAT ATTACAATTA TTGCATTGTT CTTCCCAATT 600
 GTTATCTTAG CAGTTCCATT CATTGATACT TTGTTGCAA TGATTCGACG TGTGAAAAAA 660
 GGGCAGCATA TAATGCAAGC TGATAAATCG CATTGTCATC ATAACTATT AGCTTTAGGC 720
 45 TACACACATA GACAAACACT ATTATTAATC TATTCAATCT CTATTTTATT TAGTCTTTCG 780
 AGCATTATTT TGTATGTATC GCCACCATTA GGTGTTGTAT TAATGTTTGT ATTAATCATA 840
 TTTAGTATTG AATTAATTGT TGAATTTACA GGATTAATAG ATAACAATA CCGACCAATA 900
 50 TTAAATTTAA TTAGTCGTAA GTCATCTCAT AAAGAGGAAT AGGGAATGAA AGCATAGCTG 960
 TATGGGATAA TTTGTATTAT ATGGCTTTAC TCTTTACAAT TTTTGTAT TAAATTTCAA 1020

	ATTTACCGTC TTATGATAGT GCTTTTTTATT TTTATTCAGT TGGTATATCG AAAGGTAAC	1140
	GCTTTGGAGT TTCTTCAGTC AAATCGAAAT TTCCTGCAGT CATTTGATTT AAAAAGTTAA	1200
5	TAAACGCTTC ATAGTCACTT TTAACGACAT CGATATAGTA GCTTACCTTA TCAGTGTAAG	1260
	TTTGGTTTCT TAACATAAAA TGAGTTGAAG CTAATTCATA TTCAAATTTA CCAGTTTGAT	1320
	CATAATTCAG TGTTACTATA CATGGTACTG CTTCTCGTAG TTCGACACGC CCGATATCAT	1380
10	AAATGACGTC TCTAACAGCA CCGCTATAGG CGCGAATTAA ACCGCCACCA CCTAATTTAA	1440
	TACCACCAA ATATCTTGTT ACTACGACAC ACGCATTATG AACATCGrGC TTTTTTaATA	1500
15	TGTCTAACAT TGGGaCACCG GcAGTTCCtG TCGGTTcACC ATCATCATTc GChTTTTGAA	1560
	TATTCATTtC AGGTCCAATA GTATATGCAG AACAAATTATG AGTGGCATCT TTATGTTCTT	1620
	TTTTTATTGC AGCAATAAAT GCTTTaGCTT CATCTTCATT TTGAACAGGT TTGATATGAG	1680
20	CAATGAATCT TGATTTACTA ATCACATTTT CAATAATGTG TTCTTTTTTA ACAGTAATGA	1740
	TATTTTGTGT CATAATAACT CCTTAATTCA TAAGCTTAAG ATTATTTAAT CTTcATTATA	1800
	CACTGAAAT GACATGACTA TAAATCGTTT GATTGCCATT TTCTTTTTAA CTGAAATATT	1860
25	GTATCATTGC TATGAGTATA TTTTAGGAGG ACGACTATGA AAATTGCTGT GATGACCGAT	1920
	TCTACAAGTT ATCTGTCGCA GGACTTAATC GATAAATATA ATATTCAAAT AGCGCCATTA	1980
	AGTGTGACTT TTGAAGATGG CAAGATTATA CCAGAAGAAA AAGTTCGTAC TAAAAAGCGT	2040
30	GCCATTCAAA CATTAGAAAA GAAAGTATTA GATATTGTAA AAGACTTTGA AGAAGTAACT	2100
	TTATTTGTCA TAAATGGAGA TCATTTTCGAA GATGGTCAAG CGTTATACAA AAAGTTACAA	2160
35	GATGATTGTC CTTcAGCTTA TCAAGTAGCA TACTCTGAGT TTGGTCCAGT TGTTGCAGCA	2220
	CATTTAGGTT CTGGTGGATT AGGTTTAGGC TATGTTGGCA GAAAAATAAG ATTAACATAA	2280
	TTATAAAATT TTAATAAAAG AGTCTATATT GTAATTGGAA ATTATCTCTC GTATACATGG	2340
40	CTTTAAATGT TCATCATTTG AAAGCCAAAA TGCTAAAGAT ATAAGAAAAT CATTATAATA	2400
	TTAGGCTCTT TTTTACGTTG AAATGAGGTT TTAAGCATTa AACATTACGG GAAATTAATT	2460
	CATCCTCATA CTTCACTTAC TAATGAAAAA ATTAaaaaAG AAGTAACAGG TGTCATCAAA	2520
45	CAAAATTCAA ACTATTATTG TGTTCAATGT GAAAGTACAA ATCCAAAGCA TTTTATCAG	2580
	TATGATTcCT CAGTACATTc CAAGAAAATT GTATATTGCA GAAATTGTAT ATCACTGGGT	2640
	CGAATGGATA ATGTAACAAG ATATAAAATA ACAGAGAGTT CGCAAAGTTC ATCACAAGCA	2700
50	TATTATCATC TCTCATTTGA ATTGTcGGAA CAGCAGTCTT ATGCCTCAGA ACATATTGTT	2760
	CGAGCCATTA GAAAGAGACA AACGATTTTG TTATATGCCG TAACAGGTGC AGGTAAGACA	2820

55

TCACCACGTG TAGATGTTGT TGTAGAAATT AGTAAACGTA TTAAAGACGC ATTTCTTAAT 2940
 GAAGATATAG ACATACTACA CCAGCAATCA AGACAACAAT TTGAAGGGCA TTTTGTGTGA 3000
 5 TGCACAGTGC ATCAACTTTA CCGATTCAAA CAGCACTTTG ATACTATTTT TATTGATGAA 3060
 GTCGATGCCT TTCCTTTATC AATGGATAAA AATTTACAAC AAGCATTGAA GTCATCTTCT 3120
 AAAGTTGAAC ATGCAACAAT TTATATGACA GCAACACCAC CGAAACAAC TCTGTCAGAG 3180
 10 ATTCCTCCAG AAAATATAAT TAAATTGCCA GCTCGCTTTC ATAAAAATC ACTTCCAGTT 3240
 CCTAAATATC GTTATTTCAA ACTTAATAAT AAGAAGATTC AGAAATGTT ATACCGAATT 3300
 TTACAAGATC AAATTAATAA TCAACGTTAT AACTGGTGT TTTTAAACAA TATAGAAACA 3360
 ATGATTAAAA CATTTCGGT TTATAAGCAG AAATTACTA AATTAACATA CGTCCATAGC 3420
 GAGGATGTTT TTCGCTTGA AAAAGTTGAA CAATTAAGGA ATGGACATT CGATGTCATT 3480
 20 TTTACTACGA CAATATTAGA ACGTGGATTT ACAATGGCAA ATTTGGATGT TGTGTTATC 3540
 GATGCACATC AATATACTCA AGAGGCTTTA ATACAAATTG CTGGACGTG 3589

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 266:

25 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1017 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear
 30

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 266:

35 TTTCCAAGAA GGcTTgAAAA AtGTTwCaAG TGGTGGAmC CCAGTTGGTT TACGACAAGG 60
 TATCGACAAA GCAGTTAAAG TTGCTGTTGA AGCGTTACAT GAAATTCTC AAAAAGTTGA 120
 AAATAAAAAT GAAATTGCGC AAGTAGGTGC GATTTCAGCA GCAGATGAAG AAATTGGACG 180
 40 TTATATTCT GAAGCTATGG AAAAAGTAGG TAACGATGGT GTCATTACAA TTGAAGAATC 240
 AAATGGACTA AACACTGAAC TAGAAGTGGT TGAAGGTATG CAATTTGATC GTGGTTATCA 300
 ATCACCGTAT ATGGTTACTG ATTCAGATAA AATGGTTGCT GAATTAGAAC GCCCATACAT 360
 45 TTTAGTAACA GATAAGAAAA TCTCGTCTTT CCAAGATATC TTACCTTTAT TAGAACAAGT 420
 GGTTCATCT AATCGTCCAA TCTTAATTGT AGCTGATGAA GTTGAAGGCG ATGCATTAAAC 480
 AAATATCGTG CTAAACCGTA TCGTGGCAC ATTTACAGCT GTTGCAGTAA AAGCACCTGG 540
 50 TTTTGGTGAT CGTAGAAAAG CGATGCTTGA AGATTTAGCT ATTTTAACTG GTGCGCAAGT 600
 GATTACTGAT GATTTAGGCT TAGATTAAAA AGATGCATCA ATTGATATGT TAGGTACTGC 660

55

CAGCATTGAT GCACGTGTTA GCCAATTGAA ATCTCAAATT GAAGAACTG AATCTGACTT 780
 TGATCGTGAA AAATTACAAG AGCGCTTAGC TAAATTAGCA GGTGGTGTG CAGTTATCAA 840
 5 AgTAgtGTGCA GCAAGTGAAA CAGAGCTTAA AGAACGTAAA TTACGTATTG AAGATGCATT 900
 AAATTCTACA CGTGCAGCAG TTGAAGAAGG TATTGTTGCA GGTGGTGGTA CTGCATTAGT 960
 AAATGTTTAC CAAAAAGTAA GTGAAATTGA AGCTGAAGGT GACATTGAAA CAGGTGT 1017

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 267:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1409 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 267:

TTAATCCAGC GTTAACTGTA TTTGCATTTA TTATGATTAT TTCGATTCTT TTAGCGTATG 60
 TATTTAAATG GCTTGGATTA GTGGATGATG TGTTATTAAT GGTCATTATC ATTTCAACTA 120
 25 TTTCCTTAGG CGTAGTTGTT CCAACTTTAA AAGAAATGAA TATTATGAGA ACAACTATAG 180
 GGCAATTTAT CCTATTAGTA GCAGTACTTG CGGACTTAGT AACTATGATT TTATTAACGG 240
 TCTATGGCGC AATCAATGGT CAAGGCGGCA GTACAATATG GTTAATAGGT ATATTAGTTG 300
 30 TTTTCACAGC AATTTTCATAT ATTTTAGGTG TTCAATTTAA AAGAATGTCA TTTTACAAA 360
 AATTGATGGA TGGTACGACG CAAATCGGTA TTCGTGCGGT ATTTGCATTA ATAATATTAT 420
 TAGTAGCCCT AGCAGAGGGA GTTGGCGCAG AAAATATATT AGGTGCATTC TTAGCAGGTG 480
 35 TCGTTGTTTC ATTATTAAAT CCAGATGAAG AAATGGTTGA AAAGTTAGAC TCATTGTTG 540
 ATGGGTTCTT TATTCCTATT TTCTTTATAA TGGTGGTGT AGATTTAAAC ATACCTTCAT 600
 40 TAATTAAAGA ACCGAAATTA CTAATTATCA TACCGATTTT AATCGTnGCA TTTATCATTT 660
 CAAAATTAAT TCCAGTCATG TTTATTCGAC GTTGGTTTGA TATGAAAACA ACGATTGCAT 720
 CAGCATTTTT ATTAACATCA ACATTATCGC TCGTGATAGC TGCAGCCAAA ATTTACAGAA 780
 45 GATTAAATGC TATTTTCAGCT GAAACGTCAG GTATATTAAT TTTAAGCGCA GTCATTACAT 840
 GTGTATTCGT TCCGATTATT TTCAAAAAAC TGTTTCCAGT TCCAGATGAG TTTAACCGTA 900
 AAATTGAAGT TAGTTTAATT GGTAATAATC AATTAACGAT TCCTATAGCG CAAAATTTAA 960
 50 CATCTCAGTT ATATGACGTG ACATTATATT ATCGCAAAGA CTTGAGTGAT CGTCGTCAAT 1020
 TGTCAGATGA TATCACGATG ATAGAAATTG CTGATTATGA ACAAGATGTT TTAGAACCAC 1080

AAGTTGCTAA ATTAGCCAAA GCACATCAAG TTGAGCGTGT CATTTCGAGA CTTGAAAGCA 1200
 CAACGGACGA TACAGAGTTA GTTGATTCAG GTATTGAAAT TTTCAGTAGC TACTTAAGTA 1260
 5 ATAAAATCTT ATTAAAAGGT TTAATTGAAA CACCTAACAT GTTGAATTTA TTAAGTAATG 1320
 TTGAAACGTC ACTATATGAA ATTCAAATGT TAAATTATAA ATATGAAAAT ATTCAATTAC 1380
 GTAATTTCCC ATTCGGAGGA GACATCATC 1409

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 268:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4702 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 268:

AAAGAGGGTT TTTTACTACT ATAATCCATC CTTTAATGGA ATTCCATTG TCCCTTTGGC 60
 CCGTTCATAA CCATAGGAAA ATATATGChG nAATCATTGA TAGTAAATAC ATCAATAATA 120
 25 CGAATAATGT CGGTGAAATC ACGTCCGTAT TACCATTATT AGCTAAAACA TTTTCCAAGT 180
 TTTCTTTTGA ACCGGATACT CATAAATGCT TTTAATGChT GGTTTTGTCT GTCGCCATCT 240
 TTAGAATTG TAATACTTTT TTAAATTCTT TAGCGAACAA CTCATTATCT TTATCGTTTT 300
 30 TAGCCATTG ACGATTCAAA TCGTTAGCTC TTACGCCTAA TGCTCGACCT GTCGCATGTA 360
 GCTTATTCAC ATTATTGTCG ACTTGATTTA ATTGGCCACT AACAGAATCT GCAATTGATT 420
 TTGATTCTTG TGTATCTGAT AGCAATTGCG TACTCTTTTC AGAAATTCTA CTAATTTCTT 480
 35 TATCTAAATT TGAAGACATC GTATTAAATT CATCATTTTT GCCTTTATCA ATTTTTGGTT 540
 CTTGTGGCTC TTCAGCAAAA GTCTTTTTAA CGTTTTCTAA CTGATCAATC AGCTTGGAAG 600
 40 TATCTTCTTk ATTTTTTGTT gTATTCTTTT TGTTATTTAA AATGTCATCA ATCAGTTTGT 660
 CTGAGTTTTT TCcATTGAA TCAATTTGaT GTAACACAGC TACTTTATCG TCTTTGAAAC 720
 TTTCCATGTC ATTGATAACT TGGTCAACCA TCATATCAAT TAAACGTTTG TTGTCGAATG 780
 45 GTTTATCTTC tCTGCCTTTT GTATCTGTGT ACATTTTATA ATGCGCATCA AACCTAGATA 840
 ATGCACTCAA TTGCTGGCTT AATGCATCTT TCGATAAGCG ACCATCaAGG TTATGATTCA 900
 ATGTTACATC CACAACACTC GTTGCTTTCT TATCATTTGG TTCATCTTGA CGATTGCTT 960
 50 GTCCAAATAA CAATTGTAAA TGCATTGTTT TATCTTTTAA GAAATCTTTC TCAGCATCCT 1020
 TTTTCAATTT AGCAACGCCA TTGACTTCAA CTTTATATTC CTTGTTAGAT GTATCGAGTT 1080

	TAAAATGAGG AtCTGTTGCA ACAGTTAATT GATTAATATC ATTACTTTTA ATCGTTTCAG	1200
	TACGTTGCAC TTTGACACCA TCATTAAATCA AACTACTTGT GTCTTGCGCA ACTTGTTAT	1260
5	CGTAATCTGT TAAATTAATG TGTCTGCTA ACGGTTTTTT CAAATTATAT TCATTTTTAT	1320
	AACGTTTTGC TCTTTGACA ATTGCTTCGT ATTTATTAGC TTCATCCTCA TTTAAACCTG	1380
	CAGCTATAAA GTCTTGTTA GACATGTTAT AGATAAATGT TGTATCTGTA TCAGGTTCTT	1440
10	TGACAATATC ATCATGAAGT TGTCTCTCTA AGTTTTCAGC GAATTGAGCA TTGTTCAATT	1500
	TAATGCTATT TAGCGCATCT TGTAAGTCTT TGTATTGTC AAGCTCATCT TGCAGTGATT	1560
	CTGTTAATTG CTTACGATAT TCTTCAATCA TACCTTTTGA AAATGGTGAC TCTTGTGATT	1620
15	GAATGATTTT TCTTAATTTA TCTAAGTTTT CTTTAACAGT TTGTTTATAT TCTTCTTTAC	1680
	CTGTATCTTG CATACTTGAT TGTGATCAA TTTGGCTGTC CATCTGTTTT AATGCATTGA	1740
20	TATAGTTATC AAGTTCACG CTATCTTTTT GCGATTTATA ATCTTGTAAC ATTTTATCCA	1800
	TCGCTGTATT GTGCTCGTCA AATAATGAAT TTTGTTTTTC AATTAAAGTC GAAACATTAT	1860
	AATCTGTGTT CACTCTGAAC GTATCTGAAT TCGCACTCAA TAATGATTTA TTGTATGTTT	1920
25	GGAACCATTT TGTAATGTCT TTGTTTGCAG AAATTGAATT TACAAGCGTA TCTGTAAATA	1980
	ATTCCGGGAA GTCGTTAATT GGATTTAATA AGTAATTCGA GAATTTACTA TTCACACCAT	2040
	GTTCAACGGT CATAATAGCG CCAACATTTT TTTGTGCATT ATGTAAATTA TCAATGATGC	2100
30	TTGTAAATA AATTTGCACT AAGTTTTTGT TAAAGTCGTT AAGTACATTA CTTACAACCT	2160
	TTTCTGTGTT TTTAGCTACT TCTTCTTTTT GTCCTACAGC TGTTTTATAC TGTAGCGATA	2220
	TTTTCGATGG TGTTTTAGCG TCTAATTGCA TTGCCAATTT TGAAAAGTTT TCTGGGATAA	2280
35	CAATCATGAC TTGGTATCCA CCATTTTTC AACCAGACTC AGCAACGTTT CTTGTTACTG	2340
	TTTCAAATTT ATAGTTTTTC TCATTTGCTA ACCTTTTAAT AAATGCTTGA CCCAGCTCAA	2400
40	CTTTTTTACC GTTATATGTC GTTGGTTGAT CCTCGTTAAC AATTGCGATA TGTATTTTAT	2460
	TATTTTTTATT ACTTACACTT TGGGATCCTT TTTCTGATTG ATCTCCATAT TTTGTTTGAA	2520
	CAAAAAATAT CATACTAACT ATGGCAATTA TAATAATTAA AGTGACAATT AATGCATAAA	2580
45	TCCAATTTTT CTTTTTCATG CTTATTTTCT TTCAGTTGTT TTCTTAAAAA AATGATAAGC	2640
	AAAGCCACAT TAGAAAATGT GACTTTGCCA ATTTCAGAAT GCTTATTGCA AACCGAAATT	2700
	ATTAGAAAGT TGTGGTCTT GTTCTTGAAC GGCATCAGCA GTGCTATTCA ATTGTTGTTT	2760
50	AATTTCTTCT AATAATTGTG CAAATTTTTC TACTTTAGGA CTAAGTTGTT GGAATTGCTC	2820
	TTCGAAACGG CTGAAAGCTT GACCTTCCCA GTTCGCTGCA ATTTACCTT GTGCACGKGT	2880

55

	TCTGATTTCC	TCTGGACTCA	TCTTAATCAT	TGCCATAACT	AGAAACCTCC	TGAATATTTT	3000
	AAGTTTATCa	AAACTTTTTA	GGGACACTAT	TTTTTGAAAA	AGTGCTCCTT	ACTCAAATAA	3060
5	TATATAAATT	ATTAGTATAT	GTATATAGTc	TTTTAAGTAT	TTTTAGCTTT	TTTAAAATAA	3120
	ATATATTGAA	TATAACCATA	TATTTTTTAAT	TAACCATTCA	TTTTTGTAAT	ATAAATGTGT	3180
	ATACTAAAAT	TAAATTAAAT	ACATAAAGGA	TTAAATGGTT	ATTATGAAGA	AAACAATTTT	3240
10	ACTGACGATG	ACAACTCTTA	CTTTATTTAG	TATGTCGCCT	AACTCGGCTC	AAGCATATAC	3300
	GAATGATAGC	AAAACATTAG	AAGAAGCAAA	GAAAGCACAC	CCAAACGCAC	AGTTCAAAGT	3360
15	GAATAAGAC	ACCGGCGCGT	ATACTTATAC	ATATGACAAA	AACAACACGC	CAAACAACAA	3420
	TCATCAAAAC	CAGTCACGTA	CAAACGACAA	TCATCAACAC	GCAAATCAAC	GTGATCTTAA	3480
	CAACAATCAG	TACCATTCTT	CATTAAGTGG	TCAGTATACG	CACATTAATG	ACGCAATTGA	3540
20	TTCACACACA	CCGCCTCAAA	CGTCACCAAG	CAATCCTTTG	ACACCAGCAA	TACCGAATGT	3600
	CGAAGACAAT	GACGATGAAT	TAAATAACGC	TTTTTCAAAA	GATAACAAAG	GGCTTATTAC	3660
	AGGCATCGAT	TTAGACGAAT	TGTATGACGA	ATTACAAATC	GCCGAATTTA	ATGACAAAGC	3720
25	AAAGACCGCT	GACGGTAAAC	CTTTAGCATT	AGGTAACGGT	AAAATCATTG	ATCAGCCTCT	3780
	TATCACAAGT	AAGAACAAC	TATATACTGC	TGGACAATGT	ACATGGTATG	TCTTTGATAA	3840
	ACGTGCCAAA	GATGGACACA	CGATTAGTAC	ATTTTGGGGA	GATGCTAAAA	ACTGGGCAGG	3900
30	CCAAGCTTCA	AGCAATGGCT	TCAAAGTAGA	TAGACACCCA	ACACGAGGAT	CAATTTTACA	3960
	AACAGTAAAT	GGTCCATTG	GTCATGTAGC	CTACGTTGrA	AAAGTTAATA	TTGATGGAAG	4020
	TATTCTAATT	TCAGAAATGA	ACTGGATTGG	TGAATATATC	GTTTCATCAA	GAACCATCTC	4080
35	TGCTTCAGAA	GTTTCATCAT	ATAATTACAT	CCATTAAATT	AATCATGACA	TCAATAAAAA	4140
	GCGAECAGTT	CGCAGTTTAC	AATTCGTAAC	ACTGCAAAAT	TGGTCGCTTT	ATTTTGTATG	4200
40	TTATTCGATT	ATAAAATTAC	AAAGAAATGT	TCTCTACATT	CCCCATTAAT	CAAAATCGTT	4260
	TACGAAAGTA	TAATTGTAGC	TATAATAATC	CAAGTCGTAA	CAACTAGTGG	CACTATCGTC	4320
	TTGAATAAGA	ATATACCGTA	TTTTTTCTTG	CGATATATAT	CCAGTACTAG	CCAAATTAAA	4380
45	ATGATTATAA	CACCAACAAA	AATAAATACA	GGATTCATCG	ATATAGCATC	TGCCTGTAAC	4440
	TCAGGTTGCA	TTCTTAATTT	AGTGATAATT	AACATCACTA	CTGAAATAAT	GAAAAAGTAG	4500
	ATACCTCTTA	TCTTTGATGT	CTGTAAATCT	AATTCCTGCT	CTTCAATGAC	CTCTTTAGAT	4560
50	TCACCCAATT	CTTTTGCAAT	CAAATAATTT	ACTACCTTAG	GTTTCACCCA	TAAACACTTA	4620
	ATTGCAAAGT	ACATAAAAAAT	ATATGATCCA	GTATCCATAA	ACATTAAAAA	GTTGCTTAAA	4680
55							

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 269:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2004 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 269:

	ACAAAAAATT CACCCTCATT AATATTGAAA CTAATGTTAT CGACAGCAAC ATGTTTGCCA	60
15	TAACGCTTAG TTACATTTTT AAACCTAATC ACTTTGCCAC CTCTTTTTTT CTCATAGCAT	120
	AAAACCGAGA TTATATGTAT GTATTCCCTA TTAAACCACG TTTATTACAA TTTTCAAATT	180
	TAAATGATTT ATCCTTGAAC TTTTSTAATA AAATAATGAA TAAWAGGWAA TCWCCAGTTA	240
20	AGAAATAGTG TTATTTTACC TTGAATTCAA AAAAACACCC AGTAAACAA GGAATGCTTA	300
	CTAGGTGTCT TCACTATACT TTGGCTTTAT AATTTTGAAT CGTTCTAAA AATGCTGGAC	360
	AATAATGTTT TAATTTGTAA CTACCTACGC CATCATATATT AATCATATCT TGTTCGAAG	420
25	CAGGCTTACG TTTAGCAAAT TCCTCCAACG TGTAATCAGA AAATATACTT ACAGGTGCTA	480
	TCGTTAATTT GTCACCTAAC TTTTACGAA CTCTACCAA CTGACTGAAT AATACTCGGT	540
	CAACCCCTTC AACCGTATTT ATAAATACTT TTTCAGTCGC TTTTGCTTA AATGGTGTG	600
30	TGAATACTTC TACTTCATTA CTGAGTAATT TTTAATTGA AGTATCACAC ATTAATATTT	660
	CGTCATTTTC ATTAAAGAAC CCTTTGAATC TTAATTCATC TATTAAGTGA CTTAATTCTG	720
35	ATGTTGTGTA ACCTTTTATT AAACCATGGG TTGAAATTTG GTCATAACCT TTATACTTAA	780
	TATAATCTGk TGACTCTCCT CTTAACACTT GAATGATAAC ACTATAACTC TCTTGTGTG	840
	TCATACGAGC GATGCAACTA ATAATCATCT TAGCTTCTTG TGTCATATTA TATGATTTAT	900
40	CTTGTTGAAC ACAATTACTA CATTGTTTAC ATTCTTCTAA TTTTTCATTG GGTTCAAAAT	960
	AATGGACAAT TGTGCTTCT AGACATTTTT TTGTTTTTGT ATATTGAATC ATTTTAGTTA	1020
	ACTTTTCGCC CATTTTATCT TTATAGTCAT CATCAGCTTG AGAGACTGTT ATAAAATACT	1080
45	CGTGTAATT GATATCGCGT TCGCTAAATA ACAAATACA TTCACTTTTC AACCCGTCAC	1140
	GACCTGCACG ACCCGCTTCT TGATAATAAG ATTCTAAATC TCCAGGCATA TTATAATGAA	1200
	TAACAAAGCG TACATTGGAT TTATCAATAC CCATACCAA AGCATTTGTA GCAACGACTA	1260
50	CTTTAACACG ATCAAATAAG AAATCATTCT GCGCTTCTTC TCTTCTTTA TTGCTCAAAC	1320
	CTGCATGATA TATAACACTT TCAATTTTCT GACTTCTTAA GGCTTCTTGA AGCTCTTCAA	1380

CCAATATAAA TTTTGTACGT TGATAAGTAG GATTACTTTT AAAAATTAAG TTTCTACGCT 1500
 TAGTACTCGT TTAAATTTGA TCAGTTTGAG CGATATTTAA CTTTTCTCTA ATATCTTGCT 1560
 5 GTACTTCAAC CGTGGCAGTT GCTGTCAACG CTATTATTGT AAAATCTTGA GGTAACGTAA 1620
 ATACTTTTGA AATAACATTT TGGTAACTCG GCCTGAAATC ATGACCCCAT TTAGAAATAC 1680
 AATGCGCTTC ATCAAACGCG ACTAAGTGAA TCTTTATACG CTGAAGCATA TTTAAAAAAT 1740
 10 ATCGGTTTTTC AAATCGTTCT GGTGCAACAT AAAAAATTG AATTTCTCCA TTTGATAATG 1800
 CTTTTTCAAT ACGTTGTTGC TCTTTTGTAG TCAAACTACT ATTTAAAAAA GCAGCTTGAA 1860
 TTCCCATCGC TTTTAATTGA TCCACTTGAT CTTTCATTAA TGATATTAGT GGACTTATTA 1920
 15 CAATTGTTGT ACCACCTAAC mATAAACCTG GTACTTGTA GcmTATAGAC yTACCTCCAC 1980
 CAGTtGGkAA GrCACCAAGC ACAT 2004

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 270:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2244 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 270:

AAAGATTGCT TGCCTTGAGG GTTTATATAT CTGACTCAAT TGCCACATTT TTATCAAGAG 60
 TAGTTGATAA TACTCATCAT AATTATAGCT AATATTATAT TTTTTTAAAA GATAGTGTAT 120
 GATTTTCTGG TGTTTGTGT ATACGTCATT AAATTTCAG TAGTCATTCT CCAAGTTATA 180
 35 CGTATAACAA ATATTTCCGG ATAAAGTTAG AATAAAATAT TTAGAAAAAT CATTCAATTG 240
 CGTATCGCT AAATTAAGTG TTAAATATAA GACATAAGTA ATTAATTAA TGTGATATGA 300
 TGTATTATTA CTTTGCTAAA TAGTAGATAG AACAAAATTT GTAATCGGA GGTAACAATG 360
 GATTACGCAC ATTTAAATTT AGAACATTTT TTTGCACGAA ACGACGATTT AGATGTTATA 420
 AGAGATCGCG CTGATTCGT GATGATAAAT AACTTCACTA ATGAAATGAT GTATCGTGAT 480
 45 GGTCAAATG AAGGCACGAT TGATTTAAAT CAGTACTATT ATAAAAATAG ATCAAATGCA 540
 GCAAGTTTAA TTATGATGGA TTATAAAAAA GAACTAAGT AAACGAACAA AAGAATTTT 600
 TGTTTTTAA TACGTGAATA ATAAGATTAT TGATATAAAG GTTTTCAAAG GTTATACAAA 660
 50 AAGATAAAC ATTTATGATT CGTAGATCAA CGTAAAGTAA TGTTGATAAA TGGTTTAAAA 720
 CGTTTCATTT ACATTACTGT TTATTTATGA ATATGTAACA ATGCATAGAT AAAATTGTTA 780

ACCTAAGAGG TGTGGATATG AATAACACA AGAAAGGTTT TATTTTGGGA ATAATAGGAC 900
 TTGTTGTCAT ATTTGCTGTT GTCyCaTTTT TATTTTCTC AATGATATCC GATCAGATAT 960
 5 TTTTCAAACA TGTTAAATCC GACATTAAGA TTGAAAAGTT AAATGTTACA TTAAACGATG 1020
 CAGCAAAGAA ACAAATAAAT AATTATACGA GTCAACAGGT ATCAAATAAA AAGAATGATG 1080
 CATGGAGAGA TGCATCTGCA ACTGAAATTA AAAGTGCAAT GGATAGCGGT ACTTTTATCG 1140
 10 ATAATGAAAA GCAAAAATAT CAATTTTTAG ATTTATCAAA GTATCAAGGG ATTGATAAAA 1200
 ATAGAATTAA ACGTATGTTA GTAGATAGAC CAACGTTATT GAAACATACG GATGATTTCT 1260
 TAAAAGCTGC TAAAGATAAG CACGTTAAGC AAGTTTATTT AATTTACAT GCATTATTAG 1320
 15 AACTGGCGC AGTTAAAAGT GAATTAGCTA ATGGAGTCGA AATTGATGGC AAAAAGTACT 1380
 ACAATTTCTA TGGAGTAGGA GCCCTTGATA AAGACCCAAT TAAAACAGGT GCAGAATATG 1440
 20 CTAAAAAGCA TGGTTGGGAT ACACCTGAAA AAGCTATTTT AGGCGGTGCT GATTTCAATC 1500
 ATAAGCACTT CTTATCAAGC ACAGATCAAA ATACATTGTA TAGTATGAGA TGAATCCAA 1560
 AAAATCCAGG AGAACATCAA TATGCTACAG ATATTAAGTG GGCAGAAAGT AATGCAACAA 1620
 25 TTATCGCTGA CTTTTATAAG AACATGAAGA CTGAAGGAAA ATACTTCAAA TACTTTGTGT 1680
 ATAAAGATGA CAGTAAACAT TTGAATAAGT AATTTGATAA GCTACGAGTT GTTTTTATGA 1740
 CTCGGACATA CTAAAAAGAC GCTTTCTATC TTGTTTTGAT AGAAAGCGTC TTTTGCATT 1800
 30 AGAGAAAACA CATTGATkGA TAAtCCCaCC aATGCAAgTG GGGcAGGACa TCGATAAGA 1860
 ATTACTTTTT CTTAGAAAT TAGTATTTCT TATGCATGAG TTTTACTCAT GTATTCCTAT 1920
 TTTTAAGTAC ACATTAGTTA TAGCTAATGA TAAAGAACCA CTACATAATA AATCATTAGT 1980
 35 GTTTTTTAT CATTTCTGTC CCaCTCTCAT CGTGATTTGA AATTTTCAAT TGCGATTTTA 2040
 ATTTCACTC TTACACGTTG GAACTCTGAC CAAGGCTTGC CTGCAGGATC ATCAAATCCC 2100
 CAATGTTCTT TCTTAACATT TGTGGTAAA GAAGGGCAAT TTACGTCTGC ATCACTACAT 2160
 40 AATGTAACAA CTAAATTTGA ATTTnTAATA ATATTATTAT CGGATTAAAA TCTGATGGAT 2220
 GATTTGATAT ATCAATGCCT ACTT 2244

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 271:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1371 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

ATAAGCAATT TAATTTTGAG TCTACAATGG AGGAATTATC ATCTTTATCA GAGACTTGCC 60
 AACTTGAAGT GTTGGGTCAA ATTACTCAAA ACAGAGATCG TGTAGATCGC AAATATTATG 120
 5 TTGGTAAAGG TAAAATTGAA GAAATTCAAG CATTTATTGA GTTCAAAGAT ATTGATGTAG 180
 TCATCACAAA TGATGAATTA ACGACTGCAC AATCCAAATC ACTAAATGAA GCTTTAGGTG 240
 TAAAAATTAT TGATAGAACT CAGTTGATTC TTGAAATATT TGCATTAAGA GCAAGAAGTA 300
 10 AAGAAGGTAA ATTGCAAGTA GAGCTAGCAC AACTTGATTA TTTATTACCT AGATTGCAAG 360
 GCCATGGTAA AAGCCTTTCT CGTTTAGGTG GCGGTATTGG AACTAGAGGC CCTGGTGAAA 420
 CGAAGTTAGA GATGGATCGC AGACATATTC GAACTCGTAT GAATGAAATT AAACATCAAT 480
 15 TGCGGACGGT AGAAGAACAT CGCGAAAGAT ATCGAAATAA AAGAAATCAA AATCAGGTGT 540
 TTCAAGTAGC TTTAGTTGGT TATACAAATG CTGGTAAATC ATCATGGTTT AATGTTTTAG 600
 20 CAAATGAAGA GACGTATGAA AAAGATCAAT TATTTGCAAC GTTAGATCCT AAAACACGAC 660
 AAATTCAAAT AAATGATGGA TTTAATTTAA TTATTTTACA TACTGTTGGT TTTATACAGA 720
 AACTACCTAC GACGTTAATT GCAGCTTTTA AATCAACTTT AGAAGAGGCT AAAGGTGCAG 780
 25 ATTTATTAGT ACATGTCGTA GATAGTAGCC ATCCTGAATA CCGTACGCAG TATGACACAG 840
 TTAATGATTT AATCAAACAA TTAGATATGA GTCATATTTT TCAAATAGTT ATTTTAAATA 900
 AAAAGGACTT ATGTGATCAT GCATCAAATC GTCCAGCAAG TGATTTGCCT AATGTTTTTG 960
 30 TTTCTTCTAA AAATGATGGT GATAAATTAC TTGTTAAGAC GTTATTTATT GATGAAATCA 1020
 AAAGGCAATT AACTTATTAT GATGAGACAA TTGCGACGAA TAATGCAGAT CGATTATATT 1080
 TTCTAAAACA ACATACATTA GTGACTGAAC TTAAATATGA TGAAATTGAA AATGTTTATC 1140
 35 GTATAAAAGG ATTTAAAAAA TAATAAAAGG ACGAAATTCA AATGAAAGAT ATAAGTAAGA 1200
 TAGTAGCTGA CGTCGAATCA ACGTTAGCAC CATATTTTAA AGAAATTGAA GAAACAGCAT 1260
 40 ATATTAATCA AGAAAAAGTA TTAAATGCAT TTCATCATGT CAAAGCAACC GAAAGTGATC 1320
 TACAAGGATC AACAGGATAC GGGTATGATG ACTTTGGACG TGATCATTTA G 1371

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 272:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 6035 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 272:

	CGTAAACCTA TCGTTTTTAA TATTCTGAAG TTACTTAGTT CATCCTCAGT TTCATCCATT	120
	TGTTTAATAT AAATAATACA TCCAGCTGCT ACTAAAAATG CTAATCCTAA AAATGATGTA	180
5	ACAAATATTA GAATACCGTT AGTAGCATcG ACCTCTTTTT TCATTTTCATC ATACGTGATG	240
	ACTTTGTCTC CAAACTGTTT TGCAATTGCT TGAGCTTTTT CTTTTTGTGA TGTTTGTTTA	300
	ATATCATATC CATAAAAAGT ATGAACGTTA TTTTGTGTTT TCAACTGCTG ATACTTTTCA	360
10	GGACTTACTT CGATGACAGG TGAGTTGAAG CTTAGATTTA AAGGATAAAC CTTACCTTTG	420
	TCTTCTGTG TAcACGGAAA GTTTCATTCT TAGTACCTTT TACTACTAAA TCTTTGTTTA	480
	AATGGATATT AATAATGTTA GGCAGCGATT TTGTATTGT AATGATGGCA TTGTGCGCTG	540
15	TtAACTTGTT ATTTGCACCT AAAATAGAAT TCGTGGGACC TGAATCACTA CCATTTTCCA	600
	AAGTAATAAC CTGATCATTa ACATTATCTA CAGTAATAGT TTCGTAAGCA TTTTtagAAA	660
20	ATGTAATTTG TTGTTGGCTT AGTTTAGTTT CAAATTGTTT AGCATCTTGA GTAGCGACCA	720
	CGTTAAATTC ATTTGGTGCC ATAGATGTAA GGGTTTGATC TGTATTTGAT TTAGATAATG	780
	CCGCAAAACA CAATACAGTT ACTGTAAC TGAGAAATAAT TGCAATGATA GTTAAAGACA	840
25	TGGCATTITT CTTCAITCTG TACATAATAG ACGATGTGAA TACAACATCG GTAATAGATA	900
	CGCGTCCATT TTTTGATTTT TTCAATGTTT TAAAAATAAG TGACACGGAA CTTCTGAAGA	960
	ATAAATAGGC GCCTACAACC GTTAAAAATA AAATGATAAA CGGTGATGTC ATAGCCATAG	1020
30	TTAGTGCTTT GAACGTACCA AACATTTCTG TCGCCATATA ATAGCCTAGT GCAATCATAG	1080
	CAATACCTAA TACGCCTGAA ATAACCTCTG CAGTCGTTAC TTTAGCAGTT GTGGCATCAG	1140
	TTTTAATTGA ATCTTTCATC ATTGATAAGA TACTACGTCT TTTTAGAAAT AAAGCACTTT	1200
35	GAAATAAAAT CAGTACATAC GCAATAATTA GCATGAAAAT AGTTAAAACA AGGGCCATAG	1260
	GTTcGAAATG TATCGATAAG TTAATCGATA ACGACATCAA TTTAGATACT ATGGAAAGCA	1320
40	ATAaTTGTGC ACCTGCAATG CCACATAATA CACCGACAAC ACCTGTGATT AAAAATACGA	1380
	TCATTtGTTc AAGTGCTAAC ATTTnCAAAA TGTTTTGTcG TGTTAAACCA ATCaACTGAA	1440
	ATAGCGCAAA TTCACGTGTA CGGCGTTTTA CGrmTAAATG ATTGGCATAC AITAAAAAGA	1500
45	TGACAATAAT GATAAATAAA AATATTGATC CGACTAAAGC ACCTTTCTTA ATGATGGCCA	1560
	TCGAGTCGTC ATTATTTTACA CCTTTAGTAA ACTGTAAGGT TGTAAAACTG AAATATAAGA	1620
	CGATGCTAAA AAATAATGAA AATAAATACA TTGCATAATG TTTTAAGTTT TGTCGTAAGT	1680
50	TTTTGAAAAC GATATGGTTA AATGTCATTT GAGACACCAC CTAATACTGA TTGAAGATGT	1740
	ACAATGTCCTT CATAAAAGGC CTGTTTAGAA CGTCCTTCCT GATAAAGTTG TGTATGAATT	1800

55

	ACCATGACAA TAGTTGTATC AAACGATTTA TTCATTTCCTT CCAAACGTTG TAATAGGTCA	1920
	TTTGCACTTT TCGAGTCGAG TCGGCCTGTT GGCTCATCTG CAAATATGAT TTGTGGTTTG	1980
5	TGAACAAATG CTCTCGCTGC TGCAGTTCTT TGTTGTTGAC CACCAGATAA TTCGCTAGGG	2040
	TATTTATTTT CTAGGTCATA AATACCTAAT GCTGTCGTGA TCGCTTTATA ATTTTCTTCC	2100
	ATTGTTGCCT TCGACATTTT TTGAACAGAT AAAGGTAACA TAATGTTTTT TTTAACGGTT	2160
10	AATGTCGGCA GAATACTGTA ATCTTGAAG ATGAAACCTA ATGATTCTTT GCGGAATTTG	2220
	GCAAGTGCTT TTTGATTAAAG TTTATTAAGC TCTTGTCGGT TAGCAATCcg cTACCGCTAG	2280
15	AAATTTGGTC AATTGAACTT AGTACATTTA ATAAGGTTGT CTTACCTGAT CCAGAAGGCC	2340
	CCATAATCGC AACGAATTCG CCTTTTGTGA TGTCAAAGTT AATATCTTTA AGTGCTTGAA	2400
	ATGTGTGCTT TTTACCGTAT GTTTTGTAAA CATGTgCACT GATAATATCG TCATAGTCTC	2460
20	ACTCCTTtTG TATTTAATTT CATTTTAAAT AATGTTTGA GTAGTAGCCT TTATCTAAAC	2520
	TTACAATTCA ATGAATGAAC CTTACAGAGT TGAAAcTAT CGCTACTTAG TAGATTTTTG	2580
	AGTGAGGATA CAGATTCATC GTACATATTA GACAAAAGCA ATGGTGCTTT CTAAGTGATG	2640
25	ATGTTTGTGT AAATTGAGAA AAGGGAATTT AATTATTGTA TAATAAATTT TTTGTAAAAA	2700
	TTAAAAGAGG GTTTTATTG AAAGGAATTG ATTGTTATGG AAAAAGGAAA TCAAGGTATT	2760
	AAATGGTCTA GTTTAATAAT GGGTGTATTA TTATTAATGT TGGCAGTCGT TATTTTACA	2820
30	TTTCCAATTG AAAATTTTGA TGCTATTACC TGGTTGATTG GACTGTTTGT ATTAATTAAC	2880
	GGTGTGATTC AAATCGTTTA CCGTAGAAAA GCAAAAGCTT TAGTAGGTGG TAACCAAAT	2940
35	TGGATTCTGT TTATGGGGAT TGTAGATATT CTATTTGGTC TATTAGTTAT TTTAATGTT	3000
	GGCGCAAGTT CAGCATTCCT TATTTATATG TTTGCTTTTT GGTTTATTTT TAGTCTATC	3060
	TCTGGATTAT TTACGTTTTT GGGTAGTGGT AGCTTAAAC TAATTCAGT GATTTTAAAT	3120
40	TTATTAGGTA TTGTTTTTCGG TGTCATTTTA TTATTTAATC CATTAATGGG TATCGTCTTT	3180
	ATTTGACGA TGATTGCTAT TGCATTGTA TTCGTAGGTG TCATTATGT TGTAGATGCA	3240
	CTTGCTTAAG TAAATGAAG CGGTTCAAAA GAAGGGTGTG ACATGAAGTT TGTGTCATAT	3300
45	CCTTTTTGTT GTGTTTATGA AGCATAAAAA AGGGGCGCTA CCTACAATAA GTAAGATACG	3360
	CCCATATTTT TATATTTTAC TATTATTGTT TTTCAATACG ATTAATAGTT ACATTTAGTC	3420
	CAAAATATTT TTCTAAAAAA TGTTTATAGT TATCTTTAGT GACATCAAAT TTTTCTGAGC	3480
50	TACCATTCCCT TGTTAAAGTT AAATGATTTT CAGACATTGT AGCACGGCCA AATGATTGTG	3540
	GCATTGTAAT TAATAAATGC TGTACAAATA TTGAATCTGG ATGCGTTTGA TTATATTCGA	3600

55

	AATGATCATT TTCGAATTTT TGAACATAGA AAATATCCTT GTCTTCGTTG TTAAAAATAG	3720
	CGCGGAATGT ACCACTGATA TCAGTAATTG GTTGTGTATG CTCAGATGAA GTAATAGGAA	3780
5	TGGCATGTAG AGGTAAGTCT CCAAAGCCAA CATCAGTTAC ATAGAATACA TCATTTATAG	3840
	AAACAACAAG TGAAGCATGT GAACCGTTCA GACTACGACC GCCACCGGGw GTGTGAATAG	3900
	TAGCTGACAT TAATTCAGGA TTAAATCCTT TTTGTTGTAA ATAGGCTTTG AAAAATGTAT	3960
10	TTAATTCATA ACAAAAACCA CCACGTTTAT CATGAACAAT TTTATTAAAA AGTGCATCGA	4020
	TATTTATAGA TATCGGCTTA CTATTTTGAA CATCAATATT TTCAAAAGGT ACAGTTAACA	4080
	TAAACGTGT TGCATAATAA TTAAATGCTT CAATACTCGG TCGATTATAA CGAGATGAAT	4140
15	CAATTTGTAA ATAATTCTCT AACTTCGCAA TATTCATAAG CATAGCGCCT CCTGTATTAA	4200
	AGATTATAAT TAAATTTTAA ACAGAAATAC TGAAATTTTA AATTCGAAAG CATTGAATTT	4260
20	TGGATAAATA CATTTTAAAT AGAAAAATAC GCTCTCAAAA TGAAGTCATC TCTAAAAGAA	4320
	ACGATTTAAA GATGACTACT GAGAGCGTAG CATAATGGAA GAAGTGTGCA GGGTGTCTAA	4380
	AAATGCAACA ATACAAAGGT AGTTGCAAGA CAAGTTGCCT TATCTAGACC ATTTGTGTTC	4440
25	TATGCGACCA AACTTCCAAA TTAACTTGA AATAAGCCAA GTAATTAAAA ATAATGCAAC	4500
	TAAATATAG CCTAAATAAT CAAATTCGAT CGAACCAATG AATGCCCAAA ACGCACCATG	4560
	TAAATCTAAC TTATCAGCAA GAATTTGTAG CAATTCAATC ATCCCAATCA CTAATGCTGC	4620
30	CATGACTGAT ATCGCAGTAA TCGTTATATT GTAATAGATT TTGCGAATAG GATTGAAGAA	4680
	TGCCCAATTA TAGGCATACT TCATTACAAC ACCATCTAAT GTATCCAATA AACTCATACC	4740
	TGATGCGAAT AAAATTGGTA AAGATAAGAT TCCGATAAAT GAAATGGCTT GTTGTGATGC	4800
35	GCCTGAAGAA AGAGCGAGTA ACGCAATTTT ACTAGCTGTA TCAAAACCAA GTCCAAATAA	4860
	AAAGCCAAGT GGCAATACGT GCCAACTACG CGTGATTAAT TTGAAATAAG GTCCTACAAA	4920
40	TCGAGAAACC AATCCTCTAG ATTCAAGTAA TGCATCGACT TCAGCTTCTT CAATGTGTTC	4980
	ACGACGTAAT TTAGCGAACA AGTTAATTAA AGAGATTAAA ATAATTAGAT TCAACACACC	5040
	GATAAGCACT AAAAAGAAAC CTGAACTAG TGTACCAATC GTTCCACCAA TATCTTGGA	5100
45	ATGCGGTAAT TCATCTTTAG CCCATTTTAC AGATACCCCT AAAAAACAG CCATTAAAAA	5160
	TACGACAGAT GAATGTCCAA TTGAAAAATA GAAACCCACA CCAGATGGAT CTTTGCGTTG	5220
	CTGTAATAAT TTGCGaACCG TATTATCTAT TGCAGCAATG TGATCTGCAT CAAATGCATG	5280
50	ACGCAAACCT AATGTATATG CAAGAATCCC CaTACCAAAT AAGATATGAT GGTCTTTTCC	5340
	AGCAATCCAT AAAAACTAA ACCCAATAAC GTGTAACAAA ATGACAATAG CTATGTATGG	5400
55		

ATATTTAATC ATACTGTATG TTCAATGGGC ACTCTAGTAA TAAGTGTTCATA TATAACAAAA 5520
 ATGTTATGCC AAATTATTTG TTATATAAAA ATATACATGT AACCACAAAA GATTTTTTGC 5580
 5 GATATATATA ATTTGATAAA TTAACCAACA ACAATGTAAG ATGTCACTTT GCTTAACTTG 5640
 GCATCCTTTT TATGATTTTC AAATTCAAAA AAATGAGCAA AATGAATCTC TTTACAGTT 5700
 TTTAATATTT CaATACCATG CATGGAACCT AAGCACCCAT GTGTGATGCT GGAATGGATA 5760
 10 TTGAGACTAG CAACCTGATT GTAATGATTA GATAGTTCTT GAATTAATAT TTGAGGTCCG 5820
 TATATGTCAA AGCGGCCAGG GACAGACCAA ATAAATCTG TTGTAACCAG TGAACGTAAT 5880
 AATTCATAT CTAATGCTGC TGTAACAACT ATAAAATCTA TCATTTGTTG ACGTTTAGGC 5940
 15 GCATGATTGC ATGACACATC TCCTGTTAAC TTAAAAGGTA ATGATGACTG AACTTCCGTT 6000
 TTAAAATGTA GTTGGTGCTG AAATAAGCT TGTTC 6035

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 273:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1039 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 273:

30 TTTTGAACAG CCATATTTAT TCACCCTCAA CATCATTATA ATGCTATTAG TCGCATTACC 60
 TTCCTTGTGTT TTAGCTATAT ATGATTATAT GAGTTTITAGA ATTTCTTCTG CTATTTTACA 120
 ATTTCTAGGG GCTATCTCTT GGTTCCTTTT ATCATTGATA TTATCGCTCA CACAATTTAC 180
 35 ACCTTTTACA TTAGCGTCAT TTATAACTTC AATTATTTTG TTCACAAGCA CAATTATCAC 240
 ATTAGCCATT GGTGGTAAGT CTGTTGAAAA GAATGATTCC CCTTAAATTC CAAATGAAAA 300
 AAAGGTTCTG AAGGCCGCTA TAAACACAG TTTTTCAGAA CCTCTATACT TCTATTCAAT 360
 40 GATATATGGT TTGCAATTTT CTACCTTTAA ATCCACAGCT TCTGCCCTTG AAACTTTGTT 420
 AAAATAAACC ATCAACAAC GAATGACAAC TTGATGTGCA ACAATGACAA TATCATCTTT 480
 45 TTGTGTATCT TCATTGACAA CATGATTCAT AAAATGTTCT ACGCGTTGAT ATACATCTTC 540
 ATAACTTTCT CCTTCAGGCG CTTTTTGTGA AAAACTATGA CGAAAGTCTT TAAAGTTTGG 600
 ATCATTGAAA TATTTTTCAT ATTTCCGATT CGCACTGATT TCATCTTTAT ATTCAACCTC 660
 50 AAATACGCCA AGTGAACGTT CTCTTAATAG AGGGGTAGTC GTTGATGCAA TGTCAATGG 720
 AAAAATATGT TCAAACGTTT GCTGTGTTCT TAATAAGTCT GAAACATATA CATGTTTAAT 780

CGGCACATCT AATTGTCCAC AAAAATAAGA TCGAAAATGT TTATTATCAT AATTCGATTT 900
 TGATTCGCCA TGTCTAACTA AATAAATCGT CATAATATTA CTCCTTACCT TATGTATTTC 960
 5 ATATCTACCA TAACACTTTG ACTACTAATT CGATATCAAT CTTAATATTC TATTCTAAAA 1020
 AAAGAATTAA TTCATATnT 1039

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 274:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1496 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 274:

GAGAGAATnT GCAATTAGTT ATTCAATTAG TTGATTTAAG ACATGATCCA ACACAAGATG 60
 20 ATATCTTAAT GTACAATTAT TTGAAACATT TTGATATTCC TACTTTAGTT ATATGCACTA 120
 ArGAaGACAA AATTCCaAAA GGTAAGGTyC AAAAGCATAT TAAAAATATT AAGACACAAT 180
 25 TAGATATGGA CCCAGACGAT ACAATTGTAA GTTATTCATC AATTCAAAAT AATAmCAAC 240
 AACAAATATG GAATTTAATT GAACCGTATA TTTCATAGTT TTTGTACGTC AAAACTTATA 300
 CAAAAATTTT AAAAATAATG TAAGCACGAA ACTTTTAATT AGTACACAAT TGATAACATT 360
 30 TTTCAACGTT CATCATTTTG TCAAAAACTC AAAAGTAAAT TAGAAAGATT ATAATTTATT 420
 TAAGCATCGT ACTTAATTGG ATTTTAAATT ATGTTATAAT ATTTGTATTG TTAGTATATA 480
 TGGGGGCTTT TCAAATGCAT TTTATTGCAA TTAGTATAAA TCATCGCACA GCTGATGTgC 540
 35 ACTAAGAGAG CAAGTTACTT TTAGAGATGA TGCCTTACGA ATTGCCCATG AAGATTTATA 600
 TGAAACTAAA TCTAyTTTAG AAAATGgTCA TATTaTCAAC ATGTAATCGA ACTGAAGTAT 660
 ATGCTGTGTG TGATCAAATT CACACAGGTC GTTACTATAT TCAACGATTT CTAGCTCGTG 720
 40 CATTTGGATT TGAAGTAGAT GATATTAAAG CAATGTCAGA AGTAAAAGTG GGGACGAAG 780
 CaGTAGAACA TTTATTGCGT GTCACCTCTG GTTTAGATTC AATCGTACTT GGAGAAACTC 840
 45 AAATTTTAGG TCAAATAAGA GATGCATTTT TCTTAGCGCA AAGCACAGGT ACGACAGGfA 900
 CAATTTTTAA TCATCTATTT AAACAGGCAA TTACTTTTGC AAAAAGAGCA CATAATGAAA 960
 CAGATATAGC TGATAATGCT GTAAGTGTGT CTTATGCTGC GGTGAGTTG GCGAAAAAAG 1020
 50 TATTTGGCAA ATTGAAAAGT AAGCAAGCTA TCATTATTGG TGCAGGGGAA ATGAGTGAAT 1080
 TATCACTATT AAATCTTCTT GGTTCGGAA TTACTIONAT TACAGTAGTA AATAGAACAA 1140

TACCAAATTT ACTTGAAAGT GCAGATATTG TGATTAGTTC AACGAGTGCA CAATCTTATA 1260
 TCATTACAAA TGAAATGATA GAAAGAATTG CAGAAAATAG AAAGCAAGAT TCACTAGTAT 1320
 5 TGATTGATAT TGCAGTTCCT CGAGATATTG AACCTGGTAT TAGTGCCATC ACAAACATCT 1380
 TTAATTATGA TGTGTATGAC TTAAAAGGTT TAGTTGATGC AAACCTACGT GAGCGACAAT 1440
 TAGCGGCTGC AACAAATTCG GAACAAATTC CTACAGAAAT ACATGCACAC AATGAG 1496

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 275:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 4826 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 275:

CTTGATTTTT TCCCTTTAGT ATTTTCCaTt TGanTGTCGC AGCTTCTAAA TCCTGCTTTG 60
 GTTCTCTAGT GAACTTCATA ATTAAAGCAG CTACAACGAA TGATACAAGT GCAGCAAGGA 120
 25 AGACACCGAG TAACATGTGC AAGAATTCAC CTCTAGGTGC ATTTAAACAG TAAACTATAA 180
 ATGAACCTGG TGACGCGGGA CTTTTAAATC CAAATCCTGT TGCTTGATAA GTTGCAACAC 240
 CAGTCATTCC ACCTAAAATA ACAGCGATAA ATAATAAAGG ACGCATTAAAT ACATATGGGA 300
 30 AATAAATTC ATGAATACCA CCTAAGAAGT GGATAATTC AGCACCATAT GACGTTGCTT 360
 TTGCAGTGCC TTTTCCAAAA ATCATATAAG CAAGTAAGAT ACCTAAACCT GGTCCAGGGT 420
 TAGATTCAAT TGTGTATAAA ATTGATTGAC CAGCTTTTGC AGCTTGATCT GCACCAAGCG 480
 35 GTGTGAATAC ACCATGGTTA ATCGCATTGT TTAAAAATAC AATTTTTGCA GGCTCTACTA 540
 AAATACTTAC AAGTGGAAGT AGGTGTGCAT GTACTAATGC TTCAACTGCC ACTGATAAAA 600
 TATGCATAAT AAATTTTATA AGTGGTGCTA AAATTTTAAA TCCTGCAATC GTCATGATAA 660
 40 ATCCTAAAAT ACCAGCAGAA AAGTTATTAA ATAACATTC AAAACCTTGC GGC GTTCTAG 720
 GTTGAATCAA TTGGTCGGTC TTCTTCATTA ACCAACCAAC AAGTGGACCC ATAATCATTG 780
 45 CACCAAGTAA CATTGGTGTA TCAGGTAATG CAACGATGAC CCCCATAGTT GCTGTTGCTG 840
 CGATGATACC ACCACGTAAA TCATAAATTA AACGACCACC ACTAAATGCG ATCAATAATG 900
 GGATTAAATA AGTAATCATT GGTCTTGCTA AAGTAGCTAA ATCTTTGTTA GGTAACCATC 960
 50 CATTATCTAT AAAAATGGCC GCGATAAAAC CCCAAGCGAT GAAAGCGCCA ATGTTTGGCA 1020
 TGATCATACT ACTTAAGAAT GATCCAAATG CTTGAACACG ACGACCAATT CCTTTTTTCT 1080

	GAGAGGTTAC	TTGTTACTCA	ATATAAACAA	AAATCAACTT	TGTCAAAATA	AATGTGACAA	1200
	AATTAAATAA	AGTGTCAATCA	ATGTGACAGT	ATAGATATTT	TGAAAAAGTA	AAACAAAAAA	1260
5	ATTGTTTTAG	GATTTTTTAA	ATTTTATTGT	GAAAAATTTT	GCAAAACAAA	ACAACACCGT	1320
	GTACAATAAT	GATTAATGGA	AAGGGGGAAA	GTTCCGCAGT	ACAGTTAAAG	CGCCTGTGCA	1380
	AATAAATATT	TGTATTTGAA	GATTAAAGGT	TAATATATGA	GTGGCCTTTA	TAGAGTGCAA	1440
10	TATATGTATT	TGTAGACGAG	GAGGATAGTG	ATCGAATAGA	TCGGCCGATG	CTATCCCGGA	1500
	TGTGGCTCAT	TCGTTAGCTT	ATTAAGTAAA	ACATTAGGGT	GACTTAATGG	ACAAAGTTAA	1560
	TAAGATCGCC	AGAAATTGAA	TATAAAAAAT	ATTAATATGG	AAAGTACAGT	GTGAGCAATT	1620
15	TGTATAGTTG	TAAAAATAAC	TATGCTTAAT	TTGTTATGGA	TGAATGCGAT	GATAGCATGT	1680
	TCCTATTTAT	ATTATGAAAG	CAGATTGTCA	ATCTAAATTA	TCGGCAATAA	ATCATAATTT	1740
20	ACGCGTACTA	TTCCAATATG	GAGGAAAATG	TCGTTATGTG	TGGAATTGTT	GGTTATATTG	1800
	GCTATGaTAA	TGCCAAAGAA	TTATTATTAA	AAGGTTTAGA	AAAATTAGAA	TACAGAGGTT	1860
	ATGACTCTGC	AGGTATCGCA	GTAGTAAATG	ATGATAATAC	AACTGTATTT	AAAGAAAAAG	1920
25	GTCGTATTGC	AGAATTACGT	AAAGTTGCTG	ATAGTAGCGA	TTTGATGGA	CCTGTTGGAA	1980
	TCGGTCACAC	ACGTTGGGCA	ACACACGGTG	TACCGAATCA	TGAAAACTCT	CATCCACATC	2040
	AATCATCAAA	TGGCCGTTTT	ACTCTAGTTC	ATAACGGTGT	TATTGAAAAC	TATGAAGAGT	2100
30	TAAAAGGTGA	ATACTTACAA	GGTGTATCAT	TCATTTCAGA	AACAGATACA	GAAGTTATCG	2160
	TTCAATTAGT	TGAATACTTT	TCAAATCAAG	GACTTTCAAC	TGAAGAAGCA	TTTACAAAAG	2220
	TTGTGTCAAT	ATTACATGGT	TCATATGCAT	TAGGTTTATT	AGATGCTGAA	GACAAAGACA	2280
35	CAATCTATGT	TGCTAAAAAT	AAATCACCAT	TATTATTAGG	TGTTGGTGAA	GGTTTCAATG	2340
	TTATGCGATC	AGACGCACTT	GCAATGTTAC	AAGTGACAAG	CGAATATAAA	GAAATCCATG	2400
	ACCATGAAAT	CGTTATTGTT	AAAAAAGATG	AAGTTATTAT	TAAAGATGCA	GATGGAAACG	2460
40	TTGTAGAACG	TGATTCATAT	ATTGCTGAAA	TTGATGCATC	AGATGCTGAA	AAAGGTGTTT	2520
	ATGCACACTA	CATGTTAAAA	GAAATTCATG	AACAACCAGC	AGTAATGCGT	CGTATTATTC	2580
45	AAGAATATCA	AGATGCAGAA	GGTAACTTGA	AAATTGATCA	AGACATCATC	AATGATGTTA	2640
	AAGAAGCAGA	CCGCATTTAC	GTTATTGCAG	CAGGTACAAG	CTACCATGCA	GGTTTAGTAG	2700
	GTAAAGAATT	TTTAGAAAAA	TGGGCTGGCG	TACCAACTGA	AGTACACGTT	GCATCAGAGT	2760
50	TTGTCTACAA	CATGCCATTA	TTATCTGAAA	AACCATTGTT	CGTTTATATT	TCTCAATCAG	2820
	GTGAAACTGC	AGATAGCCGC	GCCGTATTAG	TTGAAACTAA	TAAATTAGGT	CATAAATCAT	2880

55

	TACACGCGGG TCCTGAAATC GCAGTTGCAT CTACAAAAGC ATATACTGCA CAAATTGCAG	3000
	TATTATCAAT CTTGTCTCAA ATCGTTGCAA AAGAGCaTGG TCGTGAAGCA GATATTGATT	3060
5	TATTGAGAGA ATTAGCAAAA GTAACAACAG CAATAGAAGC AATTGTTGAC GATGCACCAA	3120
	TTATGGAACA AATTGCTACA GATTCTTAG AAACAACACG CAATGCATT CTTATCGGAC	3180
	GTA CTATTGA CTATAACGTA AGTTTAGAAG GTGCGTTAAA ACTTAAAGAA ATTTCTTACA	3240
10	TTCaAGCAGA AGGTTTTGCT GGTGGAGAAC TTAAACATGG TACAATTGCC TTAATCGAAG	3300
	AAGGTACACC AGTTGTAGGT TTAGCAACAC AAGAGAAAGT TAATTTATCA ATTCGTGGTA	3360
	ACGTAAAGA GGTAGTAGCA CGTGGTGAC ATCCATGTAT TATTTCTATG GAGGGTCTTG	3420
15	AAAAAGAAGG CGACACTTAT GTCATTCCTC ATGTACATGA ATTGTAAACG CCATTAGTAT	3480
	CAGTGGTTGC ATTACAATTA ATTCATACT ATGCAGCATT ACACAGAGAT TTAGATGTTG	3540
	ATAAACCACG TAACCTTGCT AAATCAGTTA CTGTGGAATA ATTCACTTTT TTAGAATCAA	3600
20	TCATGTATTA AAATTAAAGT ATATGGCACC CTTTTAGATT AATCGACTAG AAGGGTGCTT	3660
	TTTTAGGTCG ACTTaGCTTT TACTTCATCT TAATTTGGCA GAAATGCGTa AAAATGAAGT	3720
25	GTTTTATTTA TTTAAATAGT CTGACAATTA AGGGTGTIAT GTTAATATGA TTTTATGAGA	3780
	AGTATGGAGT AGCAATAAAG GGGTGACCTC GCATGTTAAT TCAATTAGAT CAAATTGGGC	3840
	GAATGAAGCA AGGAAAAACA ATTTTAAAAA AGATTTCTTG GCAAATTGCT AAAGGTGATA	3900
30	AATGGATATT ATATGGGTTG AATGGTGCTG GCAAGACAAC ACTTCTAAAT ATTTTAAATG	3960
	CGTATGAGCC TGCAACATCT GGAAGTGTTA ACCTTTTCGG TAAAATGCCA GGCAAGGTAG	4020
	GGTATTCTGC AGAGACTGTA CGACAACATA TAGGTTTTGT ATCTCATAGT TTAAGTGA	4080
35	AGTTTCAAGA GGGTGAAAGA GTAATCGATG TGGTGATAAG CGGTGCCTTT AAATCAATTG	4140
	GTGTTTATCA AGATATTGAT GATGAGATAC GTAATGAAGC ACATCAATTA CTTAAATTAG	4200
	TTGGAATGTC TGCTAAAGCG CAACAATATA TTGGTTATTT ATCTACCGGT GAAAAACAAC	4260
40	GAGTGATGAT TGCACGAGCT TTAATGGGGC AACCCCAGGT TTTAATTTTA GATGAGCCAG	4320
	CAGCTGTTTT AGACTTTATT GCACGAGAAT CGTTGTTAAG TATACTTGAC TCATTGTCAG	4380
	ATTCATATCC AACGCTTGCG ATGATTTATG TGACGCACTT TATTGAAGAA ATAAGTCTA	4440
45	ACTTTTCCAA AATTTTACTG CTAAAAGATG GCCAAAGTAT TCAACAAGGC GCTGTAGAAG	4500
	ACATATTAAC TTCTGAAAAC ATGTCACGAT TTTCCAGAA AAATGTAGCA GTTCAAAGAT	4560
50	GGAATAATCG ATTTTCTATG GCAATGTTAG AGTAAATATT TGCAAATAA TAAGTAATAA	4620
	TGACAAAATT TAATTAAGAT AAAATGGACA GTGGAGGGCA ATATGGATAA CGTAAAAGCA	4680

55

AAAGATGTCA TTAATCAATT GAGAGAGAAA GGATATAAAG TATTTTGGC AACAGGACGT 4800
TCGCATTCTG AAAATACATC AACTTG 4826

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 276:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4846 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 276:

GAATAAAAAG TAAAATTACT CGCCTTTGTT ACCTTTTACT TTATCAATaA AATCAGTTGC 60
TTTTTCTTTT GCATTTTCAA CGAATTCCTT CGCTTTACCA GAAGCTTTAT CTCTTTTACC 120
TTCGTTTTCT AAATTTTTAT TATCAGTAAC ATTACCTACT GTTCTTTTAA CATTACCTTT 180
TGCTTGTTCA AATTTACTTT CGTCTGCCAT AATAAATGCC TCCTCGGAAT AATTAAATGT 240
TATATATAAT ACTTACCCAC TGAAAAATTA TCTAAACATT TTACTTAAAT AATTTTTGAT 300
ATTGATTIGA CGTCATTTTA TAACTAGCGA AATAGATTCA TCATTAACTT GAGGGAGTGG 360
GACTGAAATA ATAAAGAATC ACTAATGATT TATGATGTAT TAGTCACTAG CCATGTGAAA 420
TTAAAAATAA GAATAAATGA GTAGCACGCA TGCATATAGG ATTTTACTTT ATCCGTAATA 480
GCATCTCATT CCTAAATATC ATATAAATAC CTGTTTAAAT TAAAAAGCCC AGCAACATCA 540
CGTFACTGAG CCATTAATAT GATTTATTTA GCAGGAATAA CTGCACCATT GTATTTTTCA 600
TTAATGAAGT CTGAATATC TTTAGATTGT AATACTTCAA TTAATGCTTT GATTTTCTTA 660
TCATCTTGAT GTCCTTCTTT AACAGCAATT AAGTTTGCAT AAGGATTATC TTTGCACTT 720
TCTACAGCAA TAGAATCTTT TTTAGGATT AGTTTTTGTT CGATTGCAA GTTCGAATTA 780
ATGATAACAG CATCAGCGTC TTCATTTTGA TAAATTTTAG GTAAGAATTC TGCTGATTGT 840
TTATTATTAA ACTTAATATC TTTTTATTCT TCTGTAATAT CACTAACTT AGCATCTTCA 900
ATTTTACGC CTTTTTTGAT TTTAATTAAA CCTGCATCAA CGAAGAATTT TAAGAAACGT 960
CCTGTTCAG CTGGATTATT AGACACATAG ACTGTTGCAC CTTTGGTAA TTCTTTTAAA 1020
CTTTTATACT TTTAGAGTA TACAGCCATA GGTCTAAGT GAACATCACC GGCACCTACG 1080
ATTTTGTAAC CTTTATCCTT TTTCTCTGTG TTTAAATATG GTGTATGTTG GAAATAGTTT 1140
GCGTCAATTT CACCTTTGTC TAGTAATTTA TTAGGTGTAG TGTAATCGTT AATTGTTTTA 1200
ATATCTAGTT CATAACCTTT TTTCTCTAAT AATGGTTTTG CTTTTCTAA AATTCAGCA 1260

	TTACCGCAAG CTGCTAATAC AACTGCAAAT GTTAATACTA AAATAAGACC AAATAATTTT	1380
	TTCATAAAAT GAAACCCCA ATTTATCGTT TATCAAGTTT ATTTGTAAGC CAATCCCCAA	1440
5	TGAATTGGAT TATAAATACA ATAATTAAAA TAAAACTGT TGATACTAAA ATGACATCAT	1500
	TTTGATTTTCG AGTGAAACCT GTTAAGTATG CTAAATTTCC TAAACCACCG GCACCAATTA	1560
	CACCTGCAAC TGCTGTTGAA CCAACTAAAG CGATTGCTGT AACTGTAATG CCAGACACTA	1620
10	GCGCTGGCAT AGCTTCAGGT AAAAGGACTT TACGAATTAC TGTCCAAGTA TTAGCGCCCA	1680
	TTGACCAAGC CGCTTCGATG ACACCTTTAT CAATTTCTTT AAAAGCAATT TCTACGAGCC	1740
	TTGCATAAAA CGGTGctGCG CCAATGATCA AGGCTGGTAA CGCACCTGTC GGACCACTTA	1800
15	TCGTTCCAAG TATCAAACCT GTAAATGGAA TTAATAATAA AATTAAAATA ATAAATGGTA	1860
	TCGCTCTAAA TAAGTTAACA ATGAAAGAAA CGATAGAATA AAATAACCTT GCACCGATAG	1920
	ACTTACCTTT AGCAGACAAG AATAATAACA CACCTAAAAT AAGACCAAGT ATAAATGCAA	1980
20	ATATAGTTGA GACGACTGTC ATGTATAGTG TTTGACTAT TGCAGTCCAA ACTTCTGGCC	2040
	ACTGAATATT AGGCATTGTA ATCATTTCAT TTATAATTTC ACTAAATGAT TTACCCATGT	2100
25	CTTAACACCT CCATTTTAAC TTGTCGCTCA ATTAACCTT TTTTGAATTT TCCGAAATCT	2160
	ACACTTGAAA TATATGGAAT ATGCAGAACT AAAAAGCCGA CTGTTCCATT TTTTGTATTT	2220
	TTAATATTTG CTTCTAAAAT ATTAATTTTA ATATCATAGG CAGTTGATAG ACTCGATACA	2280
30	ATAGGCTCGG TTGTTGTTGA ACCAGCGAAA ACTAATCTAA CGATATATGC ATCTTTTCT	2340
	AATGGCTCTA ATTCTGTAA AGATGTTTCG AAATCATCAT TTAAATCGTC TTTCAAAAT	2400
	CGTTTTGTCA CAGTGTGTTG CGGATTTTCA AAAACCTGTG TCACCGGTCC TTGTTCTATC	2460
35	ACTTTACCAC TTTCCATAAC TGCAACTTCA TCACAAATAC GACGAATGAC ATGCATTTC	2520
	TGCGTAATTA GTACAATTGT TAAATTTTGT TGTTCTCTAA TTTTITAGTAG TAGATCTAAA	2580
	ATTTATCTG TTGTTTGCGG ATCAAGTGCA CTTGTTGCCT CATCACAAG CAAGACCGTT	2640
40	GGATCATTaG TAACGCTCGT GCAATCCCAA CACGTTGCTT TTGTCCACCT GATAACTCTG	2700
	ATGGATAAGC CTTTTCTCTA CCTTTTAAAC CGACGAGTTC GACAAGTTCT AATGCTTTTT	2760
	GCTTAGCTCT CTTCTAGGG ACACCTGCAA TTTCAAGCGG AACATAATA TTTTTAACA	2820
45	CAGTCCTTGA CCATAACAAA TTAAATGTT GGAAGATCAT ACTTACTTTT TGTCTTTTTG	2880
	CTCTTAATCC ATTTTTGGAC AATTGACCTA TATGGTCTCC ATCTATAATA ACTTCACCTG	2940
50	ATGTAGGCGC TTCTAAATGA TTAAACATTC GAATCAAAGT ACTTTTTCCT GCTCCAGAAA	3000
	AACCAATGAC GCCATAAATC GATCCTGCTC GAATCGATAA ATTAACGTGA TCTACAGCAA	3060

55

	TTCCTCCCTG	TGTTGCTTAA	TAAAATAAAA	AATGCTTTCT	CAATATCGAT	AGAAAAATTG	3180
	AGAAAGCAAT	AGTAGTATTG	TTTCTCTCAT	CTTCAAAAGT	TAAAACTTTA	TGTGAATTGG	3240
5	CACCATTICT	ATATAAGACG	GTTGCCGGGC	TTCGTAGGGC	ACATCCCTCC	ACCACTCTCG	3300
	ATAAGAGTTT	ACGCATCATT	TAATTTGTAT	TAATCCTAAC	ACCTTAGTAA	AATTTCGTCA	3360
	ATAACTATTT	TAAATTTTCT	AACAAATCAG	TCACCGATT	AAATGCATAA	ATTCGTTTTA	3420
10	CTTCTTTATC	TTTATTCATC	AACAATAAAA	TCGGCGTAGA	CATGATTGTC	ATATCTTTAC	3480
	AAAAGTGGG	ATAAAAGTTT	AAATCTATTT	TCAATAATGG	TAAGTGAAT	ATTCATTAG	3540
15	CAATGTCTAA	CATTCTTTCT	GAAACCTTAC	AAGTACCACA	CGTTGGTGTA	TAACCAAAGA	3600
	TTAAATGTTT	GTCTTCCTCA	TAAAATGTAG	TTACATCTTT	GATGTCTAAT	GAATTATTCA	3660
	TTTACTAAAA	CTAACCTTTC	ATTATTTATA	TTCGGTAAAA	GAGGTGTTTC	TTTCTTACAA	3720
20	GTAAAGCCAT	GTTTTGAAAG	TACATGCGCC	AAATATTGTT	TGGGGCAATT	CGCAACTTGA	3780
	CAGTAAGTTT	TATCAATAAA	TATATGTTCA	CTTTCACCTA	AATAACGTTT	AAACCAATTT	3840
	CTAATTCGAT	CTCCTTCGTC	ATCAGAATCG	GCTAATACAA	AACTTGTTT	ATCATACAGT	3900
25	GATTCTATCA	TATCATCAAG	CTTATCTATA	CTCATTGTTC	CATGAGTACA	AATAATATTG	3960
	ACTGGTTCTG	CAATAACCTG	TTGCACCCTT	TTTTTATCAG	ATTTTCCTTC	AACAATTATC	4020
	ACTTTATTTA	CAATAGCCAT	CATCATCACC	CTTTAAATC	AATAAACATC	TGTCAGTGTA	4080
30	TCATTTTACA	AAATTGGTAT	GAATAAAACA	TAAATCACAA	AAAATTTAAA	CTAGCTTAAT	4140
	ATAATAATTA	CAAACTCAAT	GTTTGACTAG	CTGGAACATT	TAACATAAGC	AGACAAAGGC	4200
	TAAGTCAAAA	ATCAACATCC	TAAAATCTAC	AATGTTATAT	TAACAATAGT	TAACCAAAG	4260
35	AAAATACACC	TATAACAAAC	TTTTCAATTA	TAGCGGGGCC	CCAACACAGA	AGCTGATGGT	4320
	AAGTĒAGCTT	ACAATAATGT	GCAAGTTGGC	GGGGCCCCAA	CATAAAGAAA	TACTTTTTCT	4380
	TTAGAAATTA	GTATTTCTTA	TGCATGAGTT	TTACTCATGT	ATTCCTATTT	TTAAATACAC	4440
40	ATTAGCTGTG	GCTTATGAAA	ACAGGCTGGG	ACATAAATCA	ATGTTCTATG	CTCTACGAAG	4500
	TTATATTGGC	AGTAGTTGAC	TGAACGAAAA	TGCGCTTGTA	ACAAGCTTTT	TTCAATTCTA	4560
45	GTCAGGGGCC	CCAACACAGA	GAATTTGAA	AAGAAATCT	ACAGGCAATG	CAAGTTGGGG	4620
	ATGGGCCCCA	ACAAAGAGAA	ATTGGATTCC	CAATTTCTAC	AGACAATGCA	AGTTGGGGTG	4680
	GGACGACGAA	ATAAATTTTG	CGAAAATATC	ATTTATGTCC	CACTCCCTAG	ATTGATCTAT	4740
50	AGATACTACA	CTTATTAAAG	TAATATATTT	TTATGATTCT	CTTAGCTGCA	ATCCCATGAA	4800
	TACATGTAAT	CATCAAACCT	CATAGCCTCA	AGGTCAGTAG	ATTTCA		4846

55

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1843 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 277:

10	AACAAAGACA CAATCGAACA TGAACCATCA GTAAAAGCTG AAGATATATC AAAAAAGGAG	60
	GATACACCAA AAGAAGTAGC TGATGTTGCT GAAGTTCAGC CGAAATCGTC AGTCACTCAT	120
15	AACGCAGAGA CACCTAAGGT TAGAAAAGCT CGTTCTGTTG ATGAAGGCTC TTTTGATATT	180
	ACAAGAGATT CTAAAAATGT AGTTGAATCT ACCCCAATTA CAATTCAAGG TAAAGAACAT	240
	TTTGAAGGTT ACGGAAGTGT TGATATACAA AAAAAACCAA CAGATTTAGG GGTATCAGAG	300
20	GTAACCAGGT TTAATGTTGG TAATGAAAGT AATGGTTTGA TAGGAGCTTT ACAATTAAAA	360
	AATAAAATAG ATTTTAGTAA GGATTTCAAT TTAAAGTTA GAGTGGCAAA TAACCATCAA	420
25	TCAAATACCA CAGGTGCTGA TGGTTGGGGG TTCTTATTTA GTAAAGGAAA TGCAGAAGAA	480
	TATTTAACTA ATGGTGAAT CCTTGGGGAT AAAGGTCTGG TAAATTCAGG CGGATTTAAA	540
	ATTGATACTG GATACATTTA TACAAGTTCC ATGGACAAAA CTGAAAAGCA AGCTGGACAA	600
30	GGTTATAGAG GATACGGAGC TTTTGTGAAA AATGACAGTT CTGGTAATTC ACAAATGGTT	660
	GGAGAAAATA TTGATAAATC AAAAATAAT TTTTAAACT ATGCGGACAA TTCAACTAAT	720
	ACATCAGATG GAAAGTTTCA TGGGCAACGT TAAATGATG TCATCTTAAC TTATGTTGCT	780
35	TCAACTGGTA AAATGAGAGC AGAATATGCT GGTAAACTT GGGAGACTTC AATAACAGAT	840
	TTAGGTTTAT CTAAAAATCA GGCATATAAT TTCTTAATTA CATCTAGTCA AAGATGGGGC	900
	CTTAATCAAG GGATAAATGC AAATGGCTGG ATGAGAACTG ACTTGAAAGG TTCAGAGTTT	960
40	ACTTTTACAC CAGAAGCGCC AAAACAATA ACAGAATTAG AAAAAAAGT TGAAGAGATT	1020
	CCATTCAAGA AAGAACGTAA ATTTAATCCG GATTTAGCAC CAGGGACAGA AAAAGTAACA	1080
45	AGAGAAGGAC AAAAAGGTGA GAAGACAATA ACGACrCCAA CACTAAAAAA TCCATTAAC	1140
	GGAGWAATTA TTAGTAAAGG TGAAYCgAAA GAAGAAATCA CAAAAGATCC GATTAATGAA	1200
	TTAACAGAAT ACGGACCAGA AACGATAACA CCAGGTCATC GAGACGAATT TGATCCGAAG	1260
50	TTACCAACAG GAGAGAAAGA GGAAGTTCCA GGTAAACCAG GAATTAAGAA TCCAGAAACA	1320
	GGAGAYGTAG TTAGACCACC GGTCGATAGC GTAACAAAAT ATGGACCTGT AAAAGGAGAC	1380
55	TCGATTGTAG AAAAAGAAGA rATTCCATTC rAGAAAGAAC GTAAATTTAA TCCTGATTTA	1440

CCAACACTAA AAAATCCATT AACTGGAGAA ATTATTAGTA AAGGTGAATC GAAAGAAGAA 1560
 ATCACAAAAG ATCCGATTAA TGAATTAACA GAATACGGAC CAGAAACGAT AACACCAGGT 1620
 5 CATCGAGACG AATTGATCC GAAGTTACCA ACAGGAGAGA AAGAGGAAGT TCCAGGTAAA 1680
 CCAGGAATTa AGAATCCAGA AACAGGAGAT GTAGTTAGAC CACCGGTCGA TaGCGTAACA 1740
 AAATATGGgA CCTGTaAAAG GAGACTCgAT TgTaGGAAAA AGaRGAATTc CaTTCaGGAA 1800
 10 AGAcGTaATT TaTCTGTTTT AGCACCCGGG GCAGAAAAGT TAC 1843

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 278:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 8536 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 278:

TAAACAGCGC GTGTACTTGT GATTCCCCCT TCTTCTATTT TACCCACCCG GGAAATAATA 60
 25 CTTTTCGCGA TTCCTTACTT GaACAAGCAA TATTTTATCa GCTGTTTCTT CAACTAAACA 120
 GACACATTTA ATCATCTTTG ACACCCCAAC TTTGTGAAAT CAATTTTTCa AATTATACTG 180
 TACAATTATG TTATCATATA TGAGTAGTTA TAGCGCAAAA CGTTAGCAAT TCAGCGCACC 240
 30 CAACTTTTCA TATAACAGA AGATACTAGG GGAATTATT ATTATGGCAA AACgTTCCAA 300
 ATCACAACTG TTATCAAGTT TACTAAATGT CGCAGGTTTC ATAGTCGACG GCTACAATGG 360
 35 CTATAAATAT CATGCTAAAA ATAAAAAATT AGTATATCTT TCATTAGGTT TAAGCACTGT 420
 AGGAACCGTG TTAGACTTTT ACATTTCAAT TAAGTCACCA CGTAAGTTCA AAAAAGCAGT 480
 GGCAGTTGTT ACTTTAATAA CAAACGGTGC TAGATTATTT ACAAGCATTc GCAAAGTAAa 540
 40 ACATGAATAC TAATTCAGAA AAGGATTGGT CGAACATAGA ACATGAAGTT CATTGACCA 600
 ATCCTTTTTC ATATACAAAA ATTCTATTa CAACAATCAC GACTTTGATA GCCCGCCAT 660
 AAAATTAGG ATTCAATCCA ACTTTTCAGC TTGTGaAATG TAATAGGaAT TCATTATATA 720
 45 TTTATATACG TAAGACTTTA GTGAATATAT CTATAATTAT TTAATTGGTA AGCTGGTACC 780
 GTTCTGTAAG TTAATAATACC TGGTGCAGCT GAATAGTTCA TTTCTGAAAC TAAAAATACTA 840
 CCATCGTTAT TTACACGTTc TACAAACATA ACATGACCAT AGTAACCTAC ATCTGTTTGA 900
 50 GCGATAGAAC CTACAGTAGG TCTATTGTCG ATAGTGTAAC CATCTGCTGC CGCTGCGTTA 960
 TCCAGTTAT TAGCATTCCA CCAATAAGTA CTAATACCTT TACCAATTTc AGCACGACGA 1020

	GTATTGTAAC CTCTATTTGT CGTTGTTGCA GATCCTGAGT TCGTAGATGC aTTACCAGTT	1140
	ACTTTCAATT TTTGACCCGG ATATATAAAG AAATTATTTA AGCCATTTAA GTCATAATT	1200
5	TTTTGATAAG TTGTACCATA TTTTGATGCA ATTAATGACA ATGAGTCACC TGCTTGTA CT	1260
	GTATAGTATG ATCCGCCACC TGAGTTCGTT GATGGACGGC TACTATTGCT CGCAGCGTTA	1320
	CTTGAGCTAG CAGTACCTGA TACTTTTAAT TTTTGACCTG GATAAATAAA GAAATTATTT	1380
10	AAACCATTAA GTCGCATAAT GTTTTGGTAA GTTGTAACCAT ATTTTGATGC GATTAATGAT	1440
	AATGAGTCGC CTGCTGTAC TGTGTAGTAT GATCCGCCAC CTGAGTTCGT TGATGGACGG	1500
	CTACTATTAC TCGTAGAATT ACTTGAGCCA GATACTTTTA GTACTTGGTT TGGGAAAATT	1560
15	AGATTAGATG TTAAATTGTT TAATGACTTT AATTTAGCAA TCGAAATCCC ATACTTATTT	1620
	GAAATTGCCC AACTGATTC ACCCGGTTTT ACTGTGTGAG TTGTAGCCGC ATTTGCTTGA	1680
20	GTTGCCGCAA CAGCGCTAAT CGCGCTTGTC CCAATAATAG CTGCAATTAC TTTTTTTTGC	1740
	ACTTTAAAAT CCTCCTCTTG CTTAACCTTC CTAACATTCT TTTATCCGAA TTTATGAATA	1800
	CTACATCATT ATACGATTTT ATTATGTATA ATAGGTTGAT GTTTGATGAC ATTATGaTTA	1860
25	CAAAAAATC ATATACTGTA TCATCAAATT TTATAATTAT CCCTTAAAAT TATTACAACT	1920
	TATTAGATTT TACAATATCT AAATTATTAC AATTCATAA TATTTCACTA TAAAATGATT	1980
	ACAATCCCTT TCTCTATTGG AAATAATTTT ATTCTCCAAC AATAACGCCC TACAAACATA	2040
30	AGCATGAACT TTGCTGTAG GACGCAATAT AATTTATTTT GCTAATGACG TTTCTATTGC	2100
	CTTAATCTCA TCTTTAGATA AATTAACAGG TTTCTCTCCA TCTTTGACAT CTTCTGCAA	2160
35	CGCTTTTTGA GCTTCTTTTG AATGATACAA TTCTACGATT TTAGCATATG TTTTGTTATC	2220
	CAAGTCTTTG TCATTAAC TG CAACAATATT AATATATGGC TTTACTGCAT CTGAATTTGA	2280
	TTTTTCTAAA AATATCGGAT CATTTT TAGG ATCTTTACCC GCTTTAGTTG CTACACCGTT	2340
40	ATTAATAACT GCAATATCGA CATCAGATAA AGCACGTGCA GTTTGTTGTG CATCTACTGC	2400
	AGTAATTTTT AAATGTTTTG GATTTGACGT TATATCTTTC ACCGTGCCTG CTAATCCGAA	2460
	ATCTTTTTTC AGTTTTATTA AACCAGCTGC TTCTAATAGT TTAAGTGCAC GTGCTTGGTT	2520
45	TGACACATCA TTTGGAATGA CAACTTTAGC ACCATCTTTA ACCTTTTTGA CATCTTTAAT	2580
	TTTATCTGAG TAAATGCCCA ACGGTGCTAA AACTGTTGTA CTTAATGCTG AAATCTTTGT	2640
50	TCCTTTATGC GCCTTTTTAT ATTGATCTAA AAATGCAAAA TGTTGGAATG CATT CATATC	2700
	AATATCACCA TCATTTAATG CTTTATTCGG TAAATTGTAA TCTGAGAAGT GCTTAATCTC	2760
55	CACATCAATA TCATCTTTTT TAGCTAATTC TTTAACCTTC TCCCAAGCCT TAGTGTCA TT	2820

	AAGTGCTACG ATAACTAACC CAATCAATCT TTTCAATTCTA TCAATTCCTT TCAAAATCTT	2940
	CACTATATAT CATTAATGTC TACGTATGAA TCTAGCTAGA ACATTCCCTA GCGTTTGAAT	3000
5	CACTTGGACA ATAATGACTA ATACAATAAC GGTAATAATA ATGACCGTCG TATCAAATCT	3060
	TTGATAACCA TACTACTAAG CTAAGTCTCC TATACCACCA CCGCCAACAG CTCCTGCCAT	3120
	CGCCGTACTT CCAATAAGTC CAATAATCGC AGTGGTAATT GCTAATACTA ACGAACCTAA	3180
10	AGCTTCAGGA ATTAAAAAAT ATCTAATGAT TTGTAGTGGT GAAGCGCCCA TCGnTTTCGC	3240
	CGCTTCAATA ATCCCCTCGT CTACTTCCAA TAATGAGTTT TCAACAAGTC TTGCAATGTA	3300
	AGGTGCCACA TATACTGTTA AAGGCACGAT GGCAGCAGTC GTACCAATTG AAGTACCTAC	3360
15	TACTAATTTT GTGAATGGCA CAATCGCAAT TAACAAAATA ATAAATGGTA GTGACCTTAA	3420
	AATATTGATT AAAGGATTTA AAACCTTGATG TATCACTATA TTGGGCCATA TGCCTTGTTT	3480
20	TCGAGTAATT ACCAATAAGA CACCTAATGG AATACCAATC ACTGCTCCTA AAAATAAAGC	3540
	AATAGATACC ATATATAGCG TTTTCGTACAA TGCTTGTAAT AACTGTGCAC TGTCTAAATC	3600
	AGAACCAAAC ATATGTTAAT GcACCTCCTC AAATTGAATA TTTTCTCTT TGAAATATTG	3660
25	ATTTATTGCC GTGTCTTCAA ATTGTTGATC CATATTAAAT CGAAGCCACA TATAACATAC	3720
	GGTGTTACCT TGTATTCTG ACATAGATGA AAATAAAATT TTAACCTCTC TGCCACAAAT	3780
	TTGAATCAAG TCATTTATAA TCGGTTGTGT CACCTGAGTT TCCTCGACGA AGATTTTATA	3840
30	ATCTTTAAAA TCGCCAACTT GTTCGTGATT CAATCGACGA ATCAATGATG TACTTGGCTC	3900
	AGTCTGTATA ACTGTAGACA CAAAATTTTG AGCAATCGTC GTTTTAGGAT GACTAAACAC	3960
35	CTCTTTAAcA GTTCCTGTTT CAACCACTTT CCCCTTTTCC ATTACAGCAA CACGATTACA	4020
	AATGTCTTTA ATAACGCGCA TTTTCATGTGT AATCATCATA ATTGTAATGC CAAAGGTTTG	4080
	ATTGACATTC TTTAATAACG TCAATATCGA AGCAGTCGTT GCTGGATCCA ATGCGCTTGT	4140
40	TGCTTCATCG CATAGGAGTA TTTTCGGATT AGTAACAAGC GCTCTTGCAA TAGCCACCCT	4200
	TTGCTTCTGC CCACCAGATA ATTCATCAGG AAATTGGTCT TTTTATCAC TCAATCCTAC	4260
	AAATTCAAGC ATTTCCGTTA CTCGTTGCTT AATTTCTGTT TTGCTTTTCT TACTTAAAT	4320
45	GAGTGGCATT GCTACATTTT TAAATACGGT AGCTGAATT TAAATAATTGA AATGCTGAAA	4380
	TATCATACCG ATATCTTTCT TAATATCCCT CATCATTTTA TCGCTATAAT TCGTAATATC	4440
	ATGTCCATCT ACAATCACTT GTCCATTCTGA GGCAGCTTCA AGATGATTCA CGAGTCTTAC	4500
50	CAACGTACTT TTTCTGTCAC CACTATATCC AATCACACCA AAAATATCAT TGCGATTGAC	4560
	CGTAAATGAT ACGTCCTTCA AAGCATCTAT TTTTGTCTC TTTTATTAA AGGTCTTACT	4620

55

	TAAGAGCATT ATATGTAAAA TTGCATATAT CGTcAATACA ATTTGCCGAA TTTTCTAAAA	4740
	AATTAAAAAA TAAGTAATTC ATGTGACAAT GACGAATTGT GAGACTACTA TGACATTTAT	4800
5	CAAATTAAAT CCATAAAAAT GTCCACCAAT CCTCCACAAC GCAATTACTA AATATTAACA	4860
	TCGCACAAAA AAGCACTAGC ATATTCAAGA ACAACAAACG TTGAACTCAA AATATATGCC	4920
	AGTGCTGCTA TTATTTATAA AGTATCTAGT GCTTGTTTTA AATCATCGAC TAAATCTTCA	4980
10	GTATCTTCAA TACCTACAGA AATTCTTACA AGTCCGTCTG TAATACCTTC TTTAGCTCGA	5040
	ATATCTGCTG GAATGGATGC ATGTGTCATC AATGCAGGTA CTGAAATTAA ACTTTCCACT	5100
	GCACCTAAAC TTTcAGCTAA TGTGTAATAC GATGTTGCTT TAATCAATTG TTTGGCACTT	5160
15	TCTGTATTTT TCACTTCAAA TGCAATCACA CCTGTATGGC CATCCGCTTG AGCCATATGG	5220
	ACATCATGAT TTAAATGACT TTCAATACTT GGATGGAACA CTGTTGCAC AGCTGGATGT	5280
20	GCTTGTAACA TTTTAATAAT TTCAATAACG CTGCGATTAA TTTGTTCCAT ACGTAAACCT	5340
	AATGTTTTAA TACCCCTCAC AAGTAAATAG CTATCTTGAG GTCCTAAAAT GCCACCTGTT	5400
	GAATTTGAAA TAAATGCTAA ACGTTCTGCA AGCTTGTCAT CCGATGTTGC AACTAAACCA	5460
25	GCAACGACAT CACTATGTCC ACCTAAATAT TTCGTTGCAG AATGTAAGAC AATATCGATA	5520
	CCTAAATCTA ATGGATTCTG ATAATAAGGT GTCATAAATG TGTATCAAC AACTGAAATC	5580
	AAACCGTGTT CTTTCGCAAT TTCAGCAGAC TTTTAAATGT CAGTAACACG TAATAATGGA	5640
30	TTAGAAGGTG TTTCAATAAA CAACATCTTT GTTGTGGGC GTATCGCTTG TACAATTGAA	5700
	TCTGTATGCG TTGTATCTAC AAAATCCACT TCAATGCCAA ATCGTGTAAT TACTTTTGTC	5760
35	AATGCGCGAT AAGTACCGCC GTATACATCT GAATTTAAAA TAATATGATC TCCTTTGTCC	5820
	AACAGCATAA CAACTGCACT GATTGCTGCA ACACCTGAAC TAAATGCAAA GCCATGTTTG	5880
	CCATTTTCTA ATGTCGCAAT AACGCTTTCT ACAGAACTTC TTGTTGGATT CGCAGTACGA	5940
40	GAATATTCAT ATCCTTGACG TAAATCACCA ATATCATCTT GTAAATATGT ACTTGTTTGA	6000
	TAAATTGGTG TTGTAACGGC ACCTGTATAA TCGTCTGTTG TGTGCCCACC ATGAATTAAT	6060
	TTAGTTTTCT TGTTcATTAT TATTCTCCTC ATAATTAAAT ATTTGCTTAG ACATATATCG	6120
45	ATCACTACCA TCTGGAAATA CGACAACAAT CGTACCTTCA GATAATTGCG CTTTTAAATT	6180
	CAATGCACCT TGTAATGCTG CACCTGaAGA ACTGCCTACT AACAAACCCTT CATTTATAGC	6240
	CAAACTTTcG ACATTTcGAA AGGCATCTTG ATCTTTAATC GTAAATATCC CATCTACAAG	6300
50	ACGTCTCTCT AAAAAATATCG GCCATTTCTC AGAACCGATA CCTTCAGTGT CATGTGCATG	6360
	AGCTGGCCCT CCATTTAACA CGGACCCTTC TGGCTCAACG GCATAACATT GCACGTGATG	6420
55		

	ATAATCAATT TGCTGTAATG CTGAAGTCAA TTCGGGTCCC AATGTATGAA AATATGTATC	6540
	CGGATTATGT TCGGATTCAA ATTGAITCAT ATAAACGGCA CCATATTTTT CAGCATAGGA	6600
5	ACGTGCAGCT AATTGTGCCC CATGCATACC TTCAGACTGA CTCGTCCTTG AAACCTTCTGC	6660
	ACCAAGCGCT ATCATAATAT TAATCTTTTC TTCTGAAAAA CCATACGGCG CAAAGATCTT	6720
	ACATTTCAAA TGATGTCTAT TCGCTGCAAT AGCTAACCCCT ATGCCTGTAT TACCAGCAGT	6780
10	CGCTTCAACA ATAGTTTGAC CTGCACGCAC ACGCCCTTCT TGAATTGCCT TCTCTACTAA	6840
	ATATTTCCCG AGTCTGTCTT TAACACTGCC TCCAGGATTC CATTGTTCAA GCTTGGCATA	6900
15	AATTTTAACT TTATCATCAC TATAATGTTC TAACAGTACT AATGGTGTAT TGCCaATTAA	6960
	ATCATAAGTA ATCATAGATG CACCCTCATC TGACATGCCG ATCAAATGAA TGAAACCTTT	7020
	CTTCATGTCT CAATTTTAAT TCTTACTTTT CAGATAAGAA TTATAAACGA CATTTTGTTA	7080
20	TTTTGCAATT ATCTAAGTTT CGATTAATTC AGAACCAGTA CTAAATTTTC AATTCCAAAC	7140
	AAAAAAACAC CTGAGCAACA CAAATACTTG TGTGTCAGAT GCTTCTATAT ATTAACATAA	7200
	TAATTGCACG ATAAAGACTA AAATAATAAC GACAGGCATC GCATACTTAA TTAAGTAATA	7260
25	CCAACCACTG AATAATCTAA ATCGATCTTT ACCAAAATAT TGTTGTAATA ATTTTTTATC	7320
	TAATAATTGT CCTACGACAA GCGTAGTACC TAATGCGCCT AATGGCATCA ATACATTCGA	7380
	AACGATGAAA TCCATATTAT CAAAAATCGT TCCCGCACCG AATCTTACAT CTTTTAAGAT	7440
30	ACCAAAAGAT AAGGTGTCTG GAATACTAAT GATAAATACT AAAATACTAC CGATCACTGC	7500
	GACTTTTTTA CGTTTTGTAT TGTCATTCTT CGTGAAGTTA GAAACATTTA ATTCTAATAA	7560
35	AGAAATAGAT GACGTTAAAG CCGCAAATAA GAACAGCACT AAGAATCCCA AATAGAATAA	7620
	TGTGCCTAGA TGCATTTGAC TAAAGACCAT TGGCAGTACT TTAAATAATA ATCCAGGCCC	7680
	TTCTTGTGGT TCATAGCCAA AACTATGTAA AGCCGGAAAT ATAGCTAGAC CTGCCAATAC	7740
40	AGATACAAAG ATATTCATAA CAACGATAGA AATAGCTGAT GACTTAATCG TCATGTCTTT	7800
	AGAGGCATAA CTCGCATAAG TAATCATACC TGTAGTTCCT AATGATAACG TAAAGAATGA	7860
	TTGACCTAGC GCAAACAAGA TGCCATCAGC AGTAATCTCT GATACTCTTG GTTGTAATAA	7920
45	AAATTTTACA CCTTCTAAGA CGCCATCTAA TGTTAAAGAC TTAATCACAA TGACGATTAA	7980
	AAAGACAAAC AGCAATGGCA TCATAACTTT CGATGCCTTT TCTAATCCTT TTTCAACACC	8040
	TAACATGACA ATAATCATCG TAGCGAATAT GAATATACCT TGCCCTAGAA CGGTAAACCA	8100
50	AGGATTTGAT ATTACCGCTT CAAAATTCAT TTCTTGGAGA TGATTGATGC GTTGAAATAT	8160
	AACTAATTGC CATAATACTT GTCCGATGTA AATGACAATC CAACCACCGA TAACACTATA	8220
55		

TTTACCAGTT AATTTACTAT ATATTTGTGT TGTATATGTC CGTCCCATT TCCCAACAGT 8340
 GAATTCATA ATGAGTAATG GCAACCCAAC AAAAATGGTG AATATTAAGA ACATAGCTAG 8400
 5 AAAGGCACCG CCGCCATAAA TCCCTGCCAT ATATGGGAAT TTCCACATGG CACCAAGACC 8460
 GATTGCAGAA CcCGCACTAG CTAAAATAAA TCCAGTTGAT GACTTCCATT GTGATTGTTG 8520
 TCTTTTCATC ATTCAC 8536

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 279:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4328 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 279:

GCTTTGGCCA TTTTATGTGG CGATTGAGAC AATCtGtKGT TGTCTTATTT GATGTTGTAT 60
 TTCAACTGGT AATTCTAGTT GCGATTGAAA TAATGGCAAC TTTTCCCAAT CATTAACAAA 120
 25 TAATTCAATA CCTGCTATGT CTAATACTTT AGCACGTGCA TCATCAACAA GACGGCGTTC 180
 CAATTGATTT GCTTCTTCTT TAATACCTGG TGACGTACTT TCTAATATCA AATTAGATAT 240
 AGGGATGTGA CCATTAATTG CATAATATAA TGCAACACGC CCACCCATTG AATATCCAAA 300
 30 CAATGTTATT GATTTATCTT TATATTTATC TAAAAATTCGG TCTAACAACG TCGTAATATA 360
 ATCAAAATTC CACGTTTCAT CCATTGAAGA CTGATCTTCG CCATGGCCTG GTAAGTCTAT 420
 35 AGTGATGACA TGATAGTTAT CAGTAAATTT TTCGATGTGA TTATGATAAG TACGGCTGTC 480
 GCTAAGAAAT CCATGCAGAA ATACTAAAC TTGATTGGTC TCAACGTTTG CTTCATAAAA 540
 TTTATAATGT GTCATGAATC ATTTCACTCA ATTTCTGGTA TAAAAATTGA TGCTGTTTAA 600
 40 AGTTATCTTC GCGATTCGTT ATCAATTCAT AAATCGTCGA AGTTTCAGAT AACAATGTGG 660
 CATTTTTAAA TTCTGAAACA CTGTTAAAC GTTTAAATC GAATTGATAT AACTTAGCTG 720
 TATACTCGAA ATCCAATCCC GTCGGTGTGC CAAACAACCG TTCAAATAG TCAGTTGCAC 780
 45 TTTCTTTTGG TGGTAAATAT GAAAAATAC CGCCACCATC GTTGTTCAAT AATACAATAT 840
 TCATCTGAAT ATTATTTAAT TTTGACATTA ATAGTCCATT CATATCATGA TAAATGATA 900
 AATCACCTAT CAATAATGTT ATTCGTTTAT GCACAGCCAT ACCCAGTGCA GTTGAAACGA 960
 50 TACCATCAAT ACCATTGCGA CCACGATTCC CATAGACATC TATATTTTTA TTCAATAACA 1020
 AGTTATCTAC ATCTCTGATA GGCATACTAT TACTAATAAA TAATGCATCT TTTTCAGATG 1080

	TAATTTCTTT	ACGCCCTTTT	TTCTCTAAGC	ATTGCCATTT	TTCTAACCAA	CTTACGCGAT	1200
	TAACGTGCGT	GTCTTCCATT	AATGACCTAA	AGAAATCATT	CGCAGAAATC	TCATATGAAA	1260
5	TATCTGGCGC	TATCGGAAAG	ACATCAATCT	TATCATTGTT	TTGCACTAAT	ATTTGAAATG	1320
	CATCAGTTTT	CTTTAACCAT	TGATTTAACT	TTTTAGAAAT	CACTGGTTTC	CCAACACGAA	1380
	TTACGAAATC	CACATTTAAG	TCTAAGCCGC	TTCTAAACAG	CAAATCATAT	GTACAGATAA	1440
10	CATTCGGATG	ATCAAATTTT	CTTAAATGAC	TTAAAGGATC	AGCTAAAATA	GGCAAATCAT	1500
	ATATCGTTGA	ATACGTTAGT	ATTTGaTCAA	CTTCTTGGTG	CTGCATATCC	CCTACAATAA	1560
	TTAAACCTTT	TTTCTTATTT	AAAATGTGTC	TTAATGCCGA	TGCATCTATA	CTTTTTTGAT	1620
15	AGTCCGGTAA	AATCTTCATC	TCAGAAGTTA	ACAATTCTGT	TGCATTCAAA	TCAGGTGTTA	1680
	ACGGATCTCT	AAATGGCAAG	TTAAAATGAA	TTGGCCCTTT	ATGTGGTCCA	TATAAATATT	1740
20	GACTAGCAAT	TTGCATTTGA	TAGTAAATTG	CATCAATGGT	CTCTTTACTA	TCATCCGCAA	1800
	TAGGCATATC	GAATCATAA	CTTACATAAT	TATTAAACAT	ATTTACTTGA	TTAATCGCTT	1860
	GTGGTGCGCC	TACACTTCTT	AATTCATGCG	GACGGTCACT	TGTTAAAACG	ATTAAAGGAA	1920
25	TTCTACTAAT	TTGGCTTTCA	GCAATTGCAG	GCGTATAATT	CGCTGCTGCT	GTACCTGACG	1980
	TACATAATAT	AGCGACAGGT	CTTTCCTGTC	CTTTAATTAA	CCCAACTGCA	AAAAACGCTG	2040
	CACCTCGCTC	ATCGGGGTGT	ATCCATGTTT	TAATATTTGG	ATGTGCTTCA	AATGCAAGTG	2100
30	CAAGTGCGGT	TGAGCGTGAT	CCCGGACTGA	TAAGTACTTC	CCTTACGCCG	TACGCATATA	2160
	ACTCAGATGC	AAATGTAAAA	ACTTGCTTCG	TTAAAGCTGC	TTTATGATTT	CCCATTCATA	2220
35	TCGACTCCTA	ATGCATTCAT	CATAGGTGTG	AAGTTAAGGT	TCGTTTCTGC	CAATTCATA	2280
	TCTGGATCAG	AATCTTTAAC	AATGCCACAC	CCAGCAAATA	AAGTTGCTTG	TGCTTTCTTA	2340
	ATAAGCATCG	AACGAATTGC	AACAATAAAT	TCACAATCAT	CGTATATATC	TATATAGCCA	2400
40	ACCGGTGCAC	CATATAATCC	TCGCGTACCA	AATCTTTTCT	GCTCAATAAA	ATCCATTGCA	2460
	AATCTTTTTG	GATAGCCACC	TAAAGCAGGT	GTTGGATGTA	AATTATCAAT	TAAACTAATA	2520
	TACGAATCAT	CCTTCAGTGG	CGCCTTTATT	TCAGTGTACA	AGTGATATAA	ATGATCATTT	2580
45	TTTAGAATTT	TAGGCGTCTT	ATCATAATGT	AATTCAGTGA	TATAAGGTTT	AATATCATGT	2640
	AAAATACTGT	CAACAACAAA	TCGATGTTTC	ATTAAGTTTT	TATTATCTTT	TAAAAATGCT	2700
50	TCAACATTTT	TTGTATCTTC	GTCTCATCT	TGTGAACGTT	TAATTGTACC	TGCTACAGCT	2760
	TTAGTCGATA	GTATTTTATT	ATTGACCTTT	ATTAATTGTT	CAGGTGTTTG	TGAAAAGAAT	2820
	ATAGAATCTT	GTGATTCTAA	CAAGAATATA	TAAGTGTGTT	TTTCTTTAGA	ATATGCTTGC	2880

55

ACAATTTTTT CTCATTATT AATAGATTCT ATAGCTTCTA CTACAAGTTG ACGCCAGTCA 3000
 TCTTTATAAA TATCTTCATT TCTAGTAATT TCCCCAATTT GCTCGTCCAC ATCTATGTCC 3060
 5 GATATATTGT TGAACAAATC CATTAAATCG TTCAATGCCT CAACAGTAAA ACTTTCCTT 3120
 TTAAGTGTAT AAGTTAAAAA TGTCCCAATTA TTATCAGTTG AAATTAAAAAC TTCAGGTAAT 3180
 ACAAATGAT TTAGTCCAAA CTCTCGCCAT TCATCATCTG ATTTATGACT TGAAAATTGG 3240
 10 AACCTCCAA CAACTCGAAG ATGATGTTTC TCAGATTGCG GATGTATAAA TGTGATGTTA 3300
 TGTTTTAATT TTTCCAGTC TTTAAAAATA GATTGTTTAT TTTTAGAATT ATTTTGAAT 3360
 AATTGAATTG CTTTGTAGCC AAAATATGAC GTTCGATTAT CATTCAAACG CATATAAAG 3420
 CGATCTCCTG CCTCATTGTC AGTGAGATGA AATAATGTGC TCGGGTCTAG TGAAGTGTAT 3480
 AATTTCACTT CAACTGAAAC CCATTCCTTT GAGCTGCCAT ATATCTCTTT GACAATATCG 3540
 20 TCCTCTAATA CGCCCGTAGC CATCCATTTC ACTTCTTTCT TCGTCTTTTT TCACTCATT 3600
 TTATATTGTA TCATTTTTTG ATAATTGTGT TACAAGAATT GCTTAAACTT ATCTTGCAAT 3660
 TTTTCACGTC AATTGACCTT TATGCTACTT TCTATTAAAA TATCTTTGTT ATAAAAAATA 3720
 25 TGATTAAAG AGGTTTTGTA TTCAATGAGT AATCAATATC AGCAATATTC TACAGTTAAG 3780
 AAATATTGGC ATTTAATGCG TCCTCATACA TTAAGTGCTT CCGTAGTACC CGTTTTAGTT 3840
 GGTACAGCAG CATCTAAAT ATATTTTCTT GGTAGCGAAG ATCATATTAA AATCAGCCTA 3900
 30 TTCATTGCCA TGTTACTAGC ATGCTTACTT ATTCAAGCAG CAACTAATAT GTTTAATGAA 3960
 TACTATGATT ATAAAAAAGG CCTCGATGAT CATGAATCTG TAGGCATTGG TGGTGCCATT 4020
 GTTCGCAACG GTATGAGCCC AGAGCTTGTG CTACGATTAG CCATTGCATT TTACATCTTA 4080
 35 GCAGCAATAT TAGGTTTGTT TTTAGCTGCT AACTCTTCAT TTTGGTTATT ACCAGTTGGA 4140
 TTAGTATGTA TGGCTGTTGG TTACCTATAT ACAGGTGGCC CTTTCCCTAT TTCATGGACG 4200
 CCTTTCGGTG AATTATTCTC AGGCGTATTT ATGGGTATGT TTATTATCGT TATTGCATT 4260
 40 TTTATTCAA CTGGCAATAT TCAAAGTTAT GTAATTTGGT TAAGTGATACC TATAGTAATC 4320
 ACTATCGG 4328

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 280:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1450 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

	GTTCAATACA GAAAAAATAA ATTTAGATGT TGAAGCATCC TACAATTAAT ACAGATCCAT	60
	TTCAATATAT TTAAACTAAA ATCTCGGGAT TTCTAAATTT TGAAATTTTCG AGGTTTTnAT	120
5	ATTTTTATTT AAAATAGCAC ATTTATACTT TATAATAGTA AAGATGAACA TATAAGGAGG	180
	CCAAATCATG GCAAAACATC CATTGGAACA ATTTAATCTA GAATCTAGTT TAATTGACGC	240
	TGTGAAAGAC CTTAATTTTG AAAAACCAAC TGAAATTCAG AATCGAATTA TTCCAAGAAT	300
10	ACTAAAGAGA ACAAATTTAA TTGGTCAATC TCAAACGGGT ACAGGGAAAT CTCATGCATT	360
	TTTATTACCA TTAATGCAGT TAATTGATAG TGAAATAAAA GAACCACAAG CAATCGTAGT	420
15	TGCACCAACA AGAGAACTTG CACAACAACT ATACGATGCA GCGAACCATT TAAGCCAATT	480
	TAAAGCTGGT GTTTCAGTTA AAGTTTTTAT TGGTGGTACA GATATAGAGA AAGATAGACA	540
	ACGTGTGAAT GCACAACCAC AATTGATTAT AGGCACCCCT ACTAGAATTA ATGACTTAGC	600
20	TAAAACGGGA CATTTACATG TGCACTTAGC ATCATATTTA GTTATTGATG AAGCGGATCT	660
	TATGATTGAC TTAGGATTAA TTGAAGATGT AGATTACATT GCTGCAAGAT TGGAAGATAA	720
	TGCAATATT GCGGTGTTTA GTGCTACAAT CCCACAACAG TTACAACCAT TTTTAAATAA	780
25	ATATTTAAGT CATCCAGAAT ATGTAGCTGT CGACAGTAAA AAACAAAATA AAAAGAACAT	840
	CGAATTCTAT TTAATACCTA CTAAAGGTGC AGCTAAAGTT GAAAAGACTT TAAATTTAAT	900
	TGATATACTA AATCCATACT TATGTATTAT TTTCTGTAAT AGTAGAGATA ATGCAAATGA	960
30	TTTAGCACGT TCACTAAATG AAGCTGGTAT TAAAGTTGGT ATGATTCATG GTGGCTTAAC	1020
	GCCaCGTgAA CGTAAACAAC AAATGarACG TATACGTAAT TTaGAATTCC aATACGTTAT	1080
35	TGCCaGCGAT TTAGCATCTC GTGGTATTGA TATTGAAGGT GTTAGTCrTG TCATCaATTT	1140
	TGATGTGCCA AATGATATTG ACTTCTTTAC GCATAGAGTC GGACGAACTG GTCGTGGGAA	1200
	TTATrrAGGT GTAGCAATTA CGCTTTATAG TCCTGATGAA GAACACAATA TTTCATTAAT	1260
40	AGAAGATCGC GGTTTTGTAT TCAATACTGT TGATATTAAA GATGGTGAGT TAAAAGAAGT	1320
	TAAAGCGCAC AATCAGCGTC AAGCAAGAAT GCGCAAAGAT GACCATTTAA CTAATCAAGT	1380
	GAAGAACAAA GTTCGAAGTA AAATTAAAAA CAAAGTTAAA CCAGGTTATA AGAAGAAATT	1440
45	TAAACAAGAA	1450

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 281:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1139 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 281:

5 AGTCAGGTAT ATCATGCCaT yCTGAATTGG TCGATATTAA TATCAGTGGT GTTAAAGAAC 60
 GAATTGTATA CCAATAGACG CTTTATATTG TAAAATAGTA TTAAATGCaG AATAGAGAGG 120
 AGATTTAATG CGATATGACA AATTATAAAG TTGTCGTTTT AGATATGGAT GACACATTGC 180
 TAAATTCAGA TAATGTGATA TCAGAAGAAA CTGCAAATTA TTAAACAGCA ATTCAAGATG 240
 10 AAGGTTATTA TGTTGTTCTA GCATCTGGTA GACCTACTGA AGGTATGATT CCAACTGCTA 300
 GAGATTTAAA ATTACCTGAA CATCATAGCT ATATTATTAG TTATAACGGT AGTAAAACGA 360
 TTAACATGAC TAATGAAGAA GTAGAAGTAA GTAAATCGAT TGGTAAGCAA GATTTTCGATG 420
 15 AAATTGTAGA TTATTGTCGA GATAGAGGCT TTTTCGTTCT TACATATCAT GATGGTCAAA 480
 TTATTTaCGA CAGCGAACAT GAGTATATGA ATATTGAAGC AGAATTAACA GGTTTACCGA 540
 20 TGAAACGTGT TGATGATATC AAAGCGTATA TTCAAGCGA TGTACCCAAG GTCATGGGTG 600
 TAGATTATGT AGCGAATATT ACAGAAGCTA GAATTGATTT GAATGGTGTG TTCAATGATA 660
 ATGTAGATGC TACGACAAGT AAGCCATTCT TCTTAGAATT TATGGCCAAA GACGTTTCAA 720
 25 AAGGTAATGC AATTAAAGCG TTATGTCACA AATTGGGATA TTCGGTGGAT CAAGTCATTG 780
 CTTTTGGTGA TAGTATGAAT GATAAATCAA TGTTTGAAGT CGCAGGTCTA GCTATTGCTA 840
 TGGGGaATGC ATCAGATGAA CTTAAGCAAT ATGCAAATGA AGTTACGTTG GATCATAATG 900
 30 AAAATGGTAT TCCACATGCG CTCAAAAAAT TGTTATAAAT TTTAAAATAA GCCTTAACAC 960
 ATGATATTTG AATAAGATAT CTTGTGGTTA AGGCTTTTTA TTTTGTGAA AATGACTTCA 1020
 GTTATACTAT GGAGGATTG AAATACATAT TTTAGATTAG TAATGATATC AAACGAATAG 1080
 35 AGTAAATGTA TATTTtTGTA ATAAATCAAG TATTAACTAG TCACGGAAGG nAGATAAAT 1139

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 282:

40 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2931 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 282:

50 TCTAAAAATG CTGTGAAATT CTTTATAAAA TATCTAAAAG GAATTAATGT TGATAACATT 60
 GCTGTGATAG GAAGTAAGAC AGCGCAATAT TGTGAATCAC TTGGCATTCTG AGTTGATTTT 120
 AtGCCAAACG ACTTTTCTCA AGAAGGATTT TTAATCAT TTAATCAAAC TAACCAAAAA 180

	AATGAAGTTG TTAAAATAGA TTTATATACT TCAGTGCCTA ACAAACAAAA TATACAAGAT	300
	GTAAAGAAA TGATAGAACA TCAACAAATC GATGCATTAA CATTTCAG TCGTCGGCA	360
5	GTACGTTATT ATTTTAATGA AGGATTTGTA CCAAAATTCA AGTCGTATTT TGCTATTGGA	420
	GAACAAACAG CACGGACCAT TAAATCATAT CAACAACCAG TAACAATTGC AGAAATTCAA	480
	ACACTCGAAT CACTAATTGA AAAGATTTTA GAAAGTAGGG GCTAAAAATG AAATTTGATA	540
10	GACATAGAAG ATTGAGATCA TCAGCGACAA TGAGAGATAT GGTTAGAGAG AATCATGTAA	600
	GAAAAGAAGA TTTAATATAT CCAATTTTTG TAGTTGAAAA AGACGATGTG AAAAAAGAAA	660
15	TTAAGTCATT GCCAGGTGTA TACCAAATCA GTTTGAATTT ACTTGAAAGT GAATTAAAAG	720
	AAGCTTATGA CTTAGGCATA CGTGCCATTA TGTTTTTCGG TGTCCAAAC TCAAAaGATG	780
	ATATAGGTAC TGGTGCATAC ATTCACGATG GTGTTATTCA ACAGGCAACA CGTATTGCTA	840
20	AAAAAATGTA TGATGACTTA TTAATTGTTG CAGACACTTG TTTATGTGAA TATACTGATC	900
	ATGGTCATTG TGGCGTGATT GATGACCATA CACATGACGT TGACAATGAT AAATCATTGC	960
	CACTACTTGT TAAAACAGCA ATTTCTCAAG TGGAAGCTGG TGCTGATATT ATTGCGCCAA	1020
25	GTAATATGAT GGATGGTTTT GTTGCTGAAA TTCGTCGTGG ATTAGATGAA GCCGGCTATT	1080
	ACAATATTCC TATAATGAGT TATGGTGCA AGTATGCATC AAGTTTCTTT GGACCTTTTA	1140
	GAGATGCAGC AGATTCAGCG CCATCATTTG GGGATAGAAA AACGTATCAG ATGGACCCTG	1200
30	CTAACCGTTT GGAAGCACTT CGTGAATTAG AAAGTGATCT TAAAGAAGGG TGCGACATGA	1260
	TGATTGTTAA ACCTGCTCTA AGTTATTTAG ATATAGTTCT AGATGTTAAA AATCATACGA	1320
35	ATGTTCCAGT TGTTGCATAT AATGTGAGTG GAGAATATAG TATGACTAAA GCAGCGGCAC	1380
	AAAATGGTTG GATAGATGAA GAACGTGTCG TTATGGAACA AATGGTTTCA ATGAAACGTG	1440
	CAGGTGCTGA TATGATTATT ACGTATTTTG CAAAGGACAT TTGTCGCTAT TTAGATAAAT	1500
40	AAGGTTTTAT ATTTATGATT TTCCATAAAC TGTAGGAGGA ATTTACTTTA TGAGATATAC	1560
	GAAATCAGAA GAAGCAATGa AGGTTGCTGA AACTTTAATG CCTGGTGGTG TAAATAGTCC	1620
	AGTACGCGCA TTAAATCAG TAGATACACC AGCAATTTTT ATGGATCACG GTAAAGGTTT	1680
45	AAAAATTTAT GATATCGATG GTAACGAGTA TATCGACTAT GACTAAGTT GGGGACCACT	1740
	TATTTTAGGA CATAGAGACC CTCAAGTTAT TAGTCATTTA CATGAAGCAA TTGATAAAGG	1800
	TACAAGTTTT GGTGCATCAA CATTACTTGA AAATAAATTG GCGCAgcTCG TTATTGACCG	1860
50	AGTACCTTCA ATAGAAAAAG TGCGTATGGT GTCATCTGGT ACAGAAGCTA CATGGATAC	1920
	TTTAAGATTA GCACGTGGTT ATACTGGCAG AAATAAAATT GTGAAATTTG AAGGTTGCTA	1980
55		

GCCGGATTCT CCTGGTGTGC CTGAAGGTAT TGCTAAAAAT ACAATTACAG TTCCATACAA 2100
 TGATTTAGAT GCACTTAAAA TCGCTTTCGA AAAATTGGa AACGATATTG CTGGTGTAAT 2160
 5 CGTAGAACCT GTTGCTGGTA ATATGGGTGT CGTACCGCCG ATTGAAGGTT TTTTACAGGG 2220
 ATTAAGAGAT ATTACGACTG AATACGGCGC ATTGCTAATT TTCGATGAAG TAATGACTGG 2280
 TTTGAGAGTC GGTATCATT GTGCACAAGG TTA CTMTTGGT GTGACACCAG ATTTAACTTG 2340
 10 CTTAGGAAAA GTTATCGGTG GAGGACTACC TG TAGGTGCA TTTGGTGGTA AAAAAGAAAT 2400
 CATGGATCAT ATAGCACCAT TAGGAAATAT TTATCAAGCG GGTACGTTAT CAGGAAATCC 2460
 TCTTGCAATG ACAAGTGGTT ATGAAACGTT AAGCCAATTA ACGCCAGAGA CATATGAGTA 2520
 15 TTTTAATATG TTAGGCGATA TACTTGAAGA CGGTTTAAAA CGTGTATTTG CTAAACACAA 2580
 TGTACCAATA ACTGTAAATA GAGCAGGTTT AATGATTGGT TATTTCTTAA ATGAAGGACC 2640
 TGTA ACTAAT TTTGAACAAG CGAATAAAAG TGATTTGAAA TTATTGTCAG AAATGTATCG 2700
 AGAAATGGCA AAAGAAGGTG TGTTTTTACC ACCATCTCAA TTTGAAGGTA CATTCTTATC 2760
 TACGGCACAC ACGAAAGAAG ATATTGAAAA AACGATTCAA GCATTGATA CGGCTTTAAG 2820
 25 TCGTATTGTA AAATAAATAT ACGGACAAAT TGAGAGCCTG AACTTTGTTC AGGCTCnTTT 2880
 TAAATGTATA TAAGGCATGG GCGGCGACTT GATAGTGAAA GTCCACTACT A 2931

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 283:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1421 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 35 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 283:

40 AATTATGAAT GCATTACCAG TATTATTACA AAAGAACAAT TAAAAATGTT TGTTTATGAT 60
 TATGATACGC ATCTCATTAA AAATGTAaTG GTTGACAGCAG ACGTGTTAAA GGCAAATGAT 120
 ATTCAAGGAC ATGAACCATT AATCGTTAAC CTTCAAACGA TTGATGAAAC ATTACATCGT 180
 45 TTACCTATGC ATAATAGAAA AGACATGATG GTTAATGGCG GTGTACTTAT GGCACATTTA 240
 AATGCCAAAA GTGGTCCGTG GTTAAAGAT GTGCTAAGAC AAATTGAGAT AGCGATTGTA 300
 ACAGGTAAAG TAAGCAACGA AGAACTGAA ATTTTGAAAT GGGTGGATAA TCATGTCAAA 360
 ATATAGTCAA GATGTACTTC AATTACTCTA TAAAAATAAA CCGAATTATA TATCTGGACA 420
 AAGCATTGCG GAATCACTTA ATATTTACCG CACTGCAGTA AAAAAAGTGA TTGACCAATT 480

CCCAGATATT TGGTATCAAG GTATAATAGA CCAATATACA AAAAGTTCTG CTTTGTTTGA 600
 TTTTAGTGAA GTATACGATT CAATAGATT CACACAACCTT GCTGCGAAAA AGTCACTTGT 660
 5 TGGAAATCAA TCTTCATTTT TTATCTTGAG TGATGAACAA ACGAAAGGTC GTGGGCGATT 720
 TAATAGACAT TGGAGTTCTT CAAAAGGGCA AGGACTTTGG ATGTCTGTCTG TGTTAAGACC 780
 10 TAACGTGCA TTCTCAATGA TATCTAAATT TAATTTATTT ATTGCATTAG GGATAAGAGA 840
 TGGCATTCAA CATTTTAGTC AAGATGAAGT CAAAGTGAAA TGGCCGAATG ATATATTTAT 900
 TGATAATGGT AAAGTGTGTG GTTTCTTAAC TGAAATGGTT GCTAATAATG ATGGTATAGA 960
 15 AGCAATAATA TGTGGTATAG GTATTAATTT GACGCAACAA CTAGAAAACCT TTGATGAAAG 1020
 TATTAGACAT AGAGCAACAA GTATACAATT ACATGATAAA AATAAATTAG ATAGATATCA 1080
 ATTTTITAGAG ATATTACTTC AAGAAATTGA AAAAAGATAT AATCAATTTT TAACGTTACC 1140
 20 TTTTCTGAA ATTCGTGAAG AATATACTGC AGCTTCTAAT ATTTGGAATA GAACGTTGCT 1200
 ATTTACAGAA AATGATAAAC AGTTTAAAG ACAAGCAATT GATTTAGATT ACGATGGCTA 1260
 25 TCTAATTGTT AGAGATGAAG CGGGTGAATC ACACCGTTTA ATTAGTGCAG ATATAGATTT 1320
 TTAACACTAA AGCAAGGAGA GATAGCTATG GGTATGGCAA CCTATGCCGT TGTGGATTTG 1380
 GAAACAACAG GCAACCAATT AGATTTTGAC GATATCATTC A 1421

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 284:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2202 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 284:

CCAAGTTGCC TAAAATGATT AAGCAAGGTT TATACCCTAT GCAACGATT GAACAAGAAT 60
 CTGGAGCCAT CCGACTGCCA ACGATTTCTA GAGTGAACG TTCAATTACAA TGGGGTAATG 120
 45 ATGCTTATAC AATGATTTTA GATCGTATGA ATATTGAAAC AAATGAATAA TAAATGAACG 180
 ATAAACAATG GTTATCTATC TGCACTAATA AGGTAGATAA TCATTGTTTT TTCACGAAAA 240
 AATTTACAGA GTAAAAGAAC TTAAATTTCA TATTAAGTCT TTAGAACTCG ACACTTAAAA 300
 50 ATGCTATAAT CATATGTATG TTAAAAAGG AGTTTCGGAA AATGTATGAC ATTAAAAAAT 360
 GCGCCATAT TTTTAAATTA GACCCAGCTA AACATATTTT AGATGATGAT TTAGATGCGA 420
 TTTGTATGTC TCAAACAGAT GCAATTATGA TTGGTGGAAc TGATGACGTT ACTGAAGATA 480

	CAAACATCGA AAGTGTAATG CCTGGTTTTG ATTtTTATTT TGTACCTACA GTACTGAACA	600
	GTACAGATGT TGTATTTTAC AATGGTACAT TATTAGAAGC GCTTAAAACA TATGGACATA	660
5	GTATAGATTT TGAGGAAGTA ATATTTGAAG GGTATGTCGT GTGCAATGCT GATAGCAAAG	720
	TGGCAAAACA TACCAAAGCA AATACAGATT TAACAACAGA AGATTTAGAA GCATATGCCC	780
10	AAATGGTCAA TCATATGTAT CGATTACCGG TTATGTATAT AGAGTATAGT GGCATTTATG	840
	GCGACGTATC AAAGGTTCAA GCTGTCTCAG AACATCTAAC AGAAACGCAA CTTTTTTATG	900
	GTGGCGGTAT TTCCTCAGAA CAACAAGCGA CAGAGATGGC AGCTATTGCA GATACAATTA	960
15	TCGTCCGTGA TATTATTTAT AAAGATATTA AAAAAGCTTT AAAAACAGTA AAAATAAAGG	1020
	AGTCTAGTAA ATGAATGCGT TATTAAATCA TATGAATACA GAGCAAAGTG AAGCTGTAAA	1080
	GACAACAGAA GGACCATTGT TAATTATGGC AGGTGCTGGT TCAGGGAAGA CACGTGTTTT	1140
20	AACACATAGA ATTGCTTATT TATTAGACGA AAAAGATGTC TCACCATACA ATGTTTTGGC	1200
	TATTACTTTT ACAAATAAAG CTGCAAGAGA AATGAAAGAA CGTGTTCAAA AATTAGTAGG	1260
25	TGATCAAGCA GAAGTTATTT GGATGTCAAC ATTCCACTCA ATGTGTGTTC GTATTTTACG	1320
	TCGTGATGCA GATCGAATTG GTATAGAACG CAATTTTACG ATAATTGATC CTACAGACCA	1380
	AAAATCTGTT ATTAAAGACG TCTTAAAAAA TGAAAATATT GATAGTAAAA AGTTTGAACC	1440
30	TCGTATGTTT ATCGGTGCGA TCAGTAATTT GAAAAATGAA CTTAAAACAC CTGCAGATGC	1500
	TCAAAAAGAA GCCACAGATT aTCACTCgCa AwTGGTaGCA ACgGTTTaTA GTgGATATCA	1560
	ACGCCAATTG TCACGTAATG AAGCGTTAGA TTTTGATGAC CTTATTATGA CAACGATTAA	1620
35	CTTATTTGAG CGTGTACCAG AAGTTCTAGA ATATTATCAG AACAAATTCC AATATATTCA	1680
	TGTAGATGAG TATCAAGATA CTAATAAAGC ACAATACACA TTAGTTAAAT TATTAGCAAG	1740
	TAAgTTTAAA AACTTATGTG TTGTAGGTGA CTCAGATCAG TCAATTTATG GTTGGCGTGG	1800
40	TGCTGATATT CAAAATATCT TATCATTGA AAAAGACTAT CCAGAAGCGA ATACAATCTT	1860
	TTTAGAGCAA AATTATCGTT CGACGAAAAC GATTTTAAAT GCGGCTAACG AAGTGTTTAA	1920
45	AAATAATTCT GAACGTAAGC CAAAAGGACT GTGGACTGCA AATACGAATG GTGAGAAAAT	1980
	TCATTACTAT GAAGCAATGA CGGAACLGAT GAAGCGGAAT TTGTAATACG AGAAATTATG	2040
	AAGCATCAAC GTAATGGTAA GAAATATCAA GATATGGCAA TTTTATATAG AACGAATGCA	2100
50	CAATCACGTG TACTTGAGGA AACATTCAATG AAATCTAATA TGCCATACAC AATGGTTGGT	2160
	GGCCAAAAGT TCTATGACCG TAAAGnAATC CAAAGATTTA TT	2202

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 285:

55

- (A) LENGTH: 785 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 285:

AGTGGTGCAA AGATAGGCAT TGATAATACC GCTAAGCCAG CAAGATGATG GCACGATAAA 60
 ACCTAAACAG AAGAAATAA ATAGTAATAC GATGATAAAT AATGGTCCAC TCATATGTTG 120
 AACTAAAGAT GATGAAAAGT GTAAGATTGT ATCTGAAATC ATACCTTCAT TCAACACTAA 180
 ATTAATACCT CGAGCTAAAC CAATAATTAA AGATACACCT ACTAAACTTG ATGCACCATT 240
 GACAAATGCA TCTACAGTTC CTTTTTCTCC CAATCCAGAT TTACCTGTCC CAGCAATAAA 300
 CATTATTATA ATTGTAAATA TTAATAATGC TGAAGCCATA ACTGGGAACC ACCAACCTTG 360
 CGTCATAACT CCCCATACCA TAATTGGAAA TGGTAGTACA AATAATGTAA GGATTATCTT 420
 CTTACGCAAA GTAAAATGGG CACTATCGTC ATCTTTTAAT ACAGACCATT GCTGTTCAAA 480
 AGCATCTTTG TCTTCATAAG AATATGACGC TTTAGGATCG TTTTAATTT TTTTACAGTA 540
 CCAATATAAA TAACTAATAA CAAAAATCGC ACCGACAATA CAAGCACCTA TTCTCCAATA 600
 CAAGCCATCC GTAAAAGTTG TACCAGCGGC ATTAGAGGCA ATTACAACCG AGAACGGGTT 660
 AATAGTTGAA AATGTACTAC CGACAGAGCT GGCAAGGAAT ATGGCACCAA CTGGAAACGA 720
 TAGAATCGTA TCCTAACGCT AATAAATATA GGGACTAAAA TCGGATAAAA TGCTACAGCT 780
 TCTTC 785

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 286:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 812 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 286:

CTAACGnGAT AAGGTTGCAA nTTTATCTGA ACATCTGATG ACTGTAATTT TGTcAATGAT 60
 AAAATATTTG TCACTAATAG ATATAAATAC TGACTTTCTT GAAAACTATG TACAAGTAAT 120
 TGTTCCTTTT CTATGATAGA CATATCTTTA CTATGTGATA CTAAAATATC TAAATkTCCC 180
 ATAATTGTTG TTAACGGTGT ACGTATGTCA TGCGAAATTG ATCTTAAAAA ATTTGAATGT 240
 GTCAGTTGAC GTTCAGCCTG TAACATGGAT TCTCTCGTTT GTTTAAGTAA CGTCACATT 300

ATCACTTGAG AACTTTGGTA ATCAATGGCT AGAATGCCTT TAATCGGAGA TGTGCCAATT 420
 GGTATCAACC ATTTATTAAT GCCTGGAAAT GTATCTGTTG TTGCACCAGC TTGTCTTTCA 480
 5 TTTTAAATTA CCCAGCTTAA TGCTTGTTCA TGCTGTTGAG TCGTATTATC GATATGGTTT 540
 TGCAATGGTA TTGTTTAAAT TACTTTTCGAT TGATTGATAA CGTATATAGT AATTGATTGT 600
 TGCAATAATT GATTAATTG GTATCCAGCA TTTATTAGTA AGTTTTCAAC TGTATAAGTT 660
 10 TGTTTAATCG AATCATTAAA TTGAAATAAT AAATCTGTAC GATAAAGTTG CTTTTTAGTA 720
 ATGGaGTAWT GGAATTTAAT TTGTnTTAAT AAAGCACTCG TTAAAATACT TGTnAAAATG 780
 CTAACGATAA ATGTAATAGG ATAGTCAAAG CG 812

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 287:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1732 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 287:

ATnATTATT ATTACTGCTA TTTTAAATTT TAAAAAATGC TTTTGATTAT ATTCAACanT 60
 TTGTATAAAA TTAAATTTGC TTTTGATTAA AGCATGAAAA TTGTAATCAA ACCATAAATT 120
 30 GTCGTATGAT GTAGTTAGAA TTTTAAAATG CAGGAGGTca AGTATATGAC TGAAATaACA 180
 TTCAAAGGTG GACCAATCCA CTTAAAAGGT CAACAAATTA ATGAAGGTGA TTTTGCACCT 240
 35 GATTTTACAG TGTTAGATAA TGACTTAAAT CAAGTAACAT TAGCAGATTA TGCTGGTAAA 300
 AAGAAATTAA TTAGTGTGGT ACCATCAATT GATACAGGTG TTTGTGATCA GCAGACTCGC 360
 AAATfCAACT CTGATGCTTC TAAAGAAGAG GGGATTGTGC TTACAATTTTC AGCAGACTTA 420
 40 CCATTTCGCAC AAAAAAGATG GTGCGCTTCA GCAGGTTTAG ACAATGTCAT TACATTAAGT 480
 GACCACCGTG ACTTATCATT TGGTGAAAAC TATGGCGTTG TTATGGAAGA ACTTCGCTTA 540
 TTAGCTCGTG CAGTATTGT ATTAGATGCA GATAATAAAG TTGTTTATAA AGAAATCGTT 600
 45 AGTGAAGGTA CTGATTTCCT AGATTTTGAT GCTGCTTTAG CTGCATACAA AAATATTTAA 660
 TCATTAAAGA GATAAATCTT AAAATGTATA CATCGTGTCC ATCGTTGTCA ACAGCATTAA 720
 AATAGAATTG TTTTCTATGA TTGCTAAGAC CTATGGGCAC TTTTATTGG AGAGGGACGA 780
 50 ATATGGCAGA ACAACAAACA ATTATGGAAC GCTTGTTTCA TACATTAGAT GAAAAAGCTA 840
 AAACATTAAA TAATGAAAAT GGCCaAAGTT TTATTGAAAA TCTTGGGCTA GCAATGGAAC 900

CATTCCAATT TGCATATTTA AGTTTAATGC aGGAAGAAAA GATAcAAGCA AATCATCAAA 1020
 TTACACCAGA TTCAATTGGA TTGATACTAG GATTTTTAGT TGAGCGTTTT ATGAACAACC 1080
 5 AAGAAGAATT ACATATTGTT GATATTGCAA GTGGTGCCGG TCATTTAAGT GCTACTGTAA 1140
 AAGAAGTGTT ACCTGraAtT GcGGTTATGc ATcATTTaAT TGaAGTTGAt CCAGTTTTAT 1200
 CACGTGTTAG TGTACATTTA GCAAACCTCT TAGAAATTCC TTTCGATGTG TATCCTCAAG 1260
 10 ATGCCATCAT GCCACTACCA TTAGAAGAAG CAGATATCGT TATTGGTGAT TTTCCAGTAG 1320
 GCTATTATCC AATTGATGAA AGAAGTAAGG AGTTTAAGCT AGGTTTTGAA GAAGGACATA 1380
 GTTATTCACA TTATTTATTA ATAGAACAAG CAATAAATGC ATTAAAAGAT GCTGGATATG 1440
 15 CCTTTCTAGT GGTACCAAGT AATATTTTTA CAGGTGAACA TGTA AACAG CTGAAAAAT 1500
 ATATTGCAAC AGAGACAGAG ATGCAAGCAT TTTTAAATTT ACCACCAACT TTATTTAAAA 1560
 20 ATGAAAAAGC GCGAAAATCT ATATTAAATTT TACAAAAGAA AAAATCGGGT GaAACAAAGC 1620
 CAGTTGAAGT ATTATTGGCA AATATTCCTg ATTTCCAAAA TTCCTTCACC AATTTCGAAG 1680
 GATTTATGGA CAGAGTTAAA ATCCAGTGGG ATGGGACCAC CAAATCGTCC TA 1732

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 288:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2779 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 288:

AAAAGAACTA GCTAAACGCA AGCAAGAAGC TATTAGTAGA ATTAAGACT TTTCAAATGA 60
 AAAAATAAAT AGTATTCGAA ATAGTGAAAT TGGCACAGCT GATGAAAAAC AAGCAGCAAT 120
 40 GAATCAAATT AACGAAATTG TGCTTGAAAC AATTAGAGAT ATTAATAATG CGCATACATT 180
 ACAGCAAGTT GAGGCTGCAT TGAACAATGG TATTGCTCGA ATTCAGCAG TACAAATTGT 240
 AACATCTGAT CGTGCTAAAC AATCGTCAAG TACTGGAAAT GAATCTAATA GCCATTTAAC 300
 45 AATTGGTTAT GGAAGTCAA ATCATCCATT TAACAGTTCG ACTATTGGAC ATAAAAAGAA 360
 ACTTGATGAA GATGATGACA TTGATCCACT TCATATGCGT CACTTTAGTA ATAATTTCCG 420
 TAATGTTATT AAAAACGCTA TTGGTGTGGT GGGTATCTCT GGTTTACTAG CTAGTTTCTG 480
 50 GTTCTTCATT GCCAAACGTC GTCGTAAAGA AGATGAAGAG GAAGAATTAG AAATAAGAGA 540
 TAATAATAAA GATTCAATAA AAGAGACTTT AGACGATACA AAACATTTAC CACTTTTATT 600

EP 0 786 519 A2

	AAATAATGGC GAGTCACTCG ATAAAAGTTAA ACATACGCCG TTCTTCTTAC CAAAACGTCG	720
	TCGTAAAGAA GATGAAGAAG ATGTGGAAGT TACAAATGAA AACACAGATG AAAAAAGTGT	780
5	GAAAGATAAC GAACATTCAC CACTCTTATT CGCAAAACGA CGCAAAGATA AAGAGGAAGA	840
	TGTTGAAACA ACAACTAGTA TTGAATCTAA AGATGAGGAC GTTCCTTTAT TATTGGCTAA	900
	AAAGAAAAAT CAAAAAGATA ACCAATCCAA AGACAAAAAG TCAGCATCAA AAAATACTTC	960
10	TAAAAAGGTA GCAGCTAAAA AGAAGAAAAA GAAAGCTAAG AAAAAATAAA AATAATTTGT	1020
	TTCTTTGATA AATAGaGGAG CACCGATTGA CATCACATCA GTCGGTGCTC CTTTTATTTA	1080
	TTCTTTTTTAA TTAATTTATA CAATGCCTGT TGAGCGTGTT GATTGCTTC TTTGTTTTGT	1140
15	TCCTCTGGTA TCCATTTAAC AAATAATAAA TCAAAATCTT TTCAAATAT TTCTATTTGA	1200
	TCAAAATAAG GTTTGAAATT TCGGTTTTTC ACATAACCAG CTTCAATGCT ATCTGCAATT	1260
20	AGCTTTGAGT CTGTATATAA TAGTGCGTTT TGAACATTTA ATTCACGTGC ATGTTCTAGT	1320
	GCATAAATAC ATGCAGCCCA TTCTGCAGTG TGGTTATCCA TTTCGCCTAA CTCATGTGTA	1380
	TATGTATAAT GCTGCTCATC TTCTTTGATT ACAATGGCAC ATGTACTTAT GCCTGGATTT	1440
25	cCTTTGTCG CAGCATCAA ATTTATTTTC GCCATAATAA ACCTACTTTC TATTCAATAC	1500
	TTAGTTAAAG TTACTATTAC TGTAATACAA AATATGTTGG GTAATCCATT AAAAAACACG	1560
	CATCACTTAA ATAAGTAACA CGTGTTTAAA ATACTCGCTG ATTCAAAGAT GATTTTCTAA	1620
30	TACGTaTACT GTaATATACT TCCTAAAAAA ATCATCTTCA GGCTGGGACA TAAATCAATG	1680
	TTCTATGCTC TACGATGTTA TATTGGCAGT AGTTGACTGA ACGAAATGC GCTTGTAACA	1740
35	AGCTTTTTTC AATTCTAGTC AGGGGCCCCA ACACAGAGAA TTTCGAAAAG AAATTCTACA	1800
	GGCAATGCGA GTTGGGGTGT GGGTCCCAAC ACAGAAGATG ACGAAAAGTC AGCTTACAAT	1860
	AATGtGCaAG TTTGGGATGG GCCCCAACAA AGAGAAATTG GATTCCCAAT TTCTACAGAC	1920
40	AATGCAAGTT GGGGTGGGAC GACGAAATAA ATTTTGCGAA AATATTATTT CTGTCCCACT	1980
	CCCTTAAAC TTATTCTTTT GTGTAGTAAG TCGGTTAATA GCCTTGATCT AACTTATCAA	2040
	TCCTACCTTT ACGATAAAAT GATTTAGCAA TATATCCAAA TGGTACATTG AAAACTGTTG	2100
45	AAGCTAATTT TAATACGTAC GTTGTAATAA ATATTTCAAa TACAaMTGTa CCAGGTAAAC	2160
	TTCCGATAAA TGCGATAGCT ACAATAAAG CTGTATCAAT TATTGzGCTT AAAAAATGTAC	2220
	TACCATATGg CACGGATGAA AAACGTTTTa TcmGaACTAA ATACTTTTTT AATTAGTGAA	2280
50	AAGATAAATA CATCAATATG TTGACCAATA ATATATGCGA CGATTGAGCC TAAAGCAATG	2340
	CGTGGCACAA CATCAAAGAT TCGGTGTAAT GCTTTTTGTG CCATATCTTC TGGTGcAGGA	2400

55

	CAAACTGCTC TTTTGTCAAC TCTACGCCCA TAAATATCGT TTAATATATC TGTTGCTAAA	2520
	TAAATAGAAG CAAACATGAC ATTACCTAAA GTTGCTGAAA TACCAAAGAT TTCTACAGTT	2580
5	TTAATCACTT GTATGTTGGC AATGATTGTG CCAATTGCAA CCCATGCAAT TAAACCTTGT	2640
	TTACCAAAAA AGCGATACAT AAGTACCATA AGCACGAACG TTGCAATAAA CGTAACTAGT	2700
	CCTAAAATTT CATTATACAT ATTAAAATGT CCTCCTAAAT TTTGATCATG CGGGTGTTTA	2760
10	GAAACCGCTC AATAAATAA	2779

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 289:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1999 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 289:

	ACTGATGTGC GTTCATCAAA AACAATATAA TCAAATTCAT TTTCATCAAA TTGCTTAAAA	60
25	TTATCATCTC TAGATAATGT TTGAATGGTT GCAAATAAAT ATTTGGCATC GACATCTCTA	120
	TGTTTTCTCG TCAACAATCC AAAATCACTA TCATTTTTTA TAGGTAATAC TTTTTTAAAT	180
	TCTTCCTTAG CTCTATTTAA AATCCCCTCA TTATGAACAA TAAATAAAAA TTTATTAGGG	240
30	TTTACTTCTC TAACATCTAA TGCACATAAA ATCGTTTTAC CTGTACCACT TGCAGATATT	300
	ATTAACGCCT TATCTTTGGC TTTATCCCTA ATAGCTTTTA ATGACCTTAA TGCTTCTGCT	360
35	TGCATTAAAT TGGGTACAAT TTCCACTGAT TTTTTCACCT TATCAGCTAG CAGCATTGGA	420
	GTTTGTTCAA CCTCCGCTAA TTTTCTAAG GAACGGTACT CAAATGATTC TTTATATGAA	480
	TTAATCCATT GCTCAGTCAG TGGGGTACTC TTTTGCCATA ACAAGTCAAA TTCACTTTTT	540
40	ACACTATCAA CTAAATCGCC ATTTTTCATA GTAGACAGTA AACATTATG CTCATAATTA	600
	ACCTTTAACG CATTAGATGT TAAATTAGAG CTTCTTATTA CCATAGAACT ATAATCCTTA	660
	TGCTCAAAAA TATATCCTTT GGCATGGAAT CCAGCAATAT CAGTTAATCT TACCTCTACA	720
45	TTTTTTAATT TAAGTAATTC TCCATACATT TTAGGACTAT TAAACCCTAA GTAATTAGAT	780
	GTTAATATTT TCCCTTTAAC ACCCTTATTG CTTAAATCTA ATAGTTGAGC CTTTAAGCTG	840
	GCTAAACCGC TTTCTGTTAT AAAAGCCACA GAAAAATAAA ACGTTTCACA TTTTGAAGT	900
50	TCATCTATAA TTGTTGAAAG AACTTTTTCA TTTTATTAT TTAATAAAG CTTCCGGTGTA	960
	TAATCCCTT TATGAGAAAT ATGTTTGTCT ATAAACCCTT TATGTAAAGA TTGATTGAAA	1020

CGCTGGGGCC CAATTTAATT TATCAAGTTC GTTTATTGAC AACCATTCAA TACTCTTATG 1140
 TTCAGTTAGA GTTGGTAACT CTTTGTTTAA AGTACATTG TATGTTGTTA ACCTAACAAT 1200
 5 TCCAAAATCA TATTCATGTT CTGTAGTTAT AACTTTGTCT CCAACAATTA AATCACATTT 1260
 CATTCTTCT CTAATTTCTC TAATCAAAGC GTCTTTTTCA GTTTCATTCT TTTCAACCTT 1320
 ACnGCCAGGA AATTCACCACA TTAAAGGCAG ACTCATTTTT TCACTTCTCT GTGCACAAAG 1380
 10 AATTTTGTGA TCAGAAAAAA TAATAGCTCC TACTACATTG ATTACTTTTT TCATAAGACT 1440
 CACCCTTCAA TTAAAAATCA TCTTAATTGT TATTCTATCA AAAATTACAA AACTATATAT 1500
 AAATCAATAT TAAAAATTAA TATTTTACAT TCACATGAAC GCTCTACTCC ATGCATTTTC 1560
 15 ATACACATCT ATTATATAAT ACTTGTGAAA AGTATTGTCT TGGGGCTGTG TTTTTTACT 1620
 TTTGGGGCGT ATTTCTTTAT AATTCATTAC ATAAATGTAA GGGCTTTAGT TTTTCATGTTT 1680
 20 TATTAAGTCT AACTGAGATT TTGAAAGGAT GTTTAGCAAC AATGGATAAA GAATTATGGA 1740
 TAGAACGAGc TAATGATAGT TTAGTTAAAC ATTTTATGa GCAGCAATCT GACATTGAAC 1800
 AGCGAGAAGG TTTTGAAAGT AAATTAACAT TTGGTACTGC GGTATACGC GGAAAATTCG 1860
 25 GTCTTGGTGA AGGTCGACTT AATAAGTTTA CTATTGAAAA ATTGGCATTG GGTTAGCGC 1920
 GTTATTTAAA TGCCCAAACA AACAGTCCAA CAATAGTCAT TCATTATGAT ATTAGACATC 1980
 TTTCcAACTG AATTCGCCC 1999

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 290:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1933 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 290:

GATGACTTTT CCCCCTCATA ATCTTCATGG TCCAGGCGTC CATTAAATGCG TCAAAGGATG 60
 GCACATTTTA CCTGGAACAA ATGATTCATA TGGTTCATAA AAATCACGCG TCGTAATATA 120
 45 ATCTTCTAAA TCAAATGCAT AGAAAATCAT TGGCTTTTAA AATACTGCAT ATTCATATAT 180
 TAAAGATGAA TAGTCACTAA TTAATAAATC TGTATGAAC AGTATATCAT TAACTTCTCT 240
 AAAGTCAGAA ACGTCAACAA AATATTGTTT ATGTTTGTCT GCAATATTAA GTCTATTTTT 300
 50 CACAAATGGA TGCATTTTAA ATAATACAAC CGCGTTATTT TTTTCGCAAT ATCTTGCTAA 360
 ACGTTCAAAA TCAATTTTGA AAAATGGGTA ATGTGCTGTA CCATGACCAC TACCTCTAAA 420

	TTGTTTGATC TGTGTCGCAT AAGCTTCATC AAATAGTACA TCAGTACGTG GAACACCTGT	540
	AGGCACTACA TTTTCTCTT TAATACCAAA TGCTTCAGCG TAGAATGGAA TATCGGTTTC	600
5	AGATGATACA TAAGCTTTTG TATAGCTACG ATGATTTAAT GAATCAATAA ATGGTCCACC	660
	CTTTTACCA GTACGACTAA AGCCAACGTG TTTAAAGGCA CCAACGGCAT GCCATACTTG	720
	AATAACTTCT TGAGAACGTC TAAAACGCAC TGTATAAATC AATGGGTGAA AGTCATCAAC	780
10	AAAGATGTAG TCTGCCTTCC CAAGTAAATA TGGCAATCTA AACTTGTCGA TGATGCCACG	840
	TCTATCTGTA ATATTGCTT TAAAAACAGT GTGAATATCA TACTTTTTAT CTAAATTTTG	900
	ACGTAACATT TCGTTATAGA TGTATTCAAA GTTCCAGAC ATCGTTGGTC TAGAGTCTGA	960
15	TGTGAACAAC ACCGTATTCC CTTTTTCAA GTGGAAAAAT TTCGTCGTAT TAAATATCGC	1020
	TTTAAAAATA AATTGTCTTG TATTAAATGA TTGTTGCGG AAATACTTAC GTAATCTTT	1080
20	ATATTTACGA ACGATATAAA TACTTTTAAC TTCCGGAGTC GTTACAACAA CATCAAGGAC	1140
	AAATTCATTA ACATCGCTAG AAATTCAGG TGTAACAGTA TAAACCGTTT TCTTCGAAAT	1200
	GCCGCCTTTT CTAAATCTT TTAGGTAAGT CTGCAATAAG AAATTGATT TACCATTTTG	1260
25	TGTTTCTAAT TCGTTGTATT CTTCTCTTG TTCTGGCTT AGATTTTGAT ATGCATCATT	1320
	AATCACATCT GGGTTTAACT GTGCAATATA ATCAAGTTCT TGCTCATTCA CTAATAAGTA	1380
	CTTATCTTCA GGTAAGTAAT AACCATTATC TAAGATAGCT ACATTGAAAC GACAAACGAA	1440
30	TTGATTCCCA TCTATTTTGA CATCAATCGC CTTCAATGTA CGTGTCTCAG TTAAATTTCT	1500
	TAATACAAAA TTACTATCTT CTAAATCTAG GTTTTCACTA TGTCCTTCAA CGAATAACTG	1560
35	AACACGTTCC CAATAGATT TATCTATATA TATCTTACTT TTAACCAACG TTAATTCATC	1620
	CTTTTCTATT TACATAATCC ATTTTAATAC TGTTTTACCC CAAGATGTAG ACAGGTCTGC	1680
	TTCAAAGCT TCTGTAAGAT CATTAAATTGT TGCAATTCA AATTCTTGAC CTTTAAACAA	1740
40	CGCTAATTTA TCTACAATAT CTGGGTATTG AATGTATAAG TCTACAACAT CTTGGAAATC	1800
	TTTTGAACCA CTTGACTAC TACCAATCAA CGTTAGTCCT TTTTCCAATA CTAGACGTGT	1860
	ATTAACCTCT ACTGGGAAC CACTTACACC TAACAGTACA ATGCTTCCTT CTGGTGAAAT	1920
45	GTAATCGATC ATT	1933

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 291:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2049 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 291:

	nGTnCGGnCA GATATATTGG TGGTCTTTAG TAAGTGTATC AAATTCATCA GATGTCAAGG	60
5	GCATGTTATC ACCTCCTTAG GTTGATAACA aCATTATACa CGaAAGGAGC ATAAaCAAaT	120
	GAACACAaGA TCAGAAGGAT TGCCTATAGG CGTCCCACAA GTTTCTAGCA AAGCTGATGC	180
	TTCTTCATCC TATTTAACGG AAAAGGAACG TAACCTTAGGA GCGGAAATAT TAGAACTTAT	240
10	TAAAAAAAGT GATTACAGCT ACTTAGAAAT AAACAAAGTT TTCTATGCAT TAGATAGAGA	300
	ACTTCAATAC AGGGCGAATA ATAACAACT TTAaCATTa TCTAAAGGAG TGATAGAGAT	360
15	GCCAAAAATC ATAATACCAC CAACACCAGA AAACACATAT CGAGGCGAAG AAAAATTTGT	420
	GAAAAAGTTA TACGCAACAC CTACACAAAT CCATCAATTG TTTGGAGTAT GTAGAAGTAC	480
	AGTATACAAC TGGTTGAAAT ATTACCGTGA AGATAATTa GGTGTAGAAA ATTTATACAT	540
20	TGATTATTCA GCAACGGGAA CATTGATTAA TATTTCTAAA TTAGAAGAGT ATTTGATCAG	600
	AAAGCATAAA AAATGGTATT AGGAGGATTA TCAAATGAGC GACACATATA AAAGCTACCT	660
	ATTAGCAGTG TTGTGCTTCA CGGTCTTAGC GATTGTACTC ATGCCATTGC TGTACTTCAC	720
25	TACAGCATGG TCAATTGCAG GATTGCGAAG TATAGTGACA TTCATATTTT ATAAGGAATA	780
	CTTTTATGAA GAATAAAAAA ACTGCTACTT GTTGGAGCAA GTAACAGTGC AAGATGAGCA	840
	ATTGTCTTAA ATAATTATAT AAGGAGTTAT TAATATGACC TTACAACAAA AAATACTATC	900
30	ACATTTTGCA ACATATGACA ATTTCAATTC TGATGATGTT GTTGAACTT TTGGGATATC	960
	TAAAACACAT GCAAAATCCA CACTTTCAAA ACTTAAGAAA AAAGGAAAGA TTGCAATGGA	1020
35	AAGTTGGGGT GTCTGGCGTG TTATTGAATC GCAATTGCAT TTAAGTGTAG TCGAACGTAA	1080
	AAAAGAAATT TTAGAAGAAC AATTTGAATT GTTAGCAAGA TTAAATGAAC AAAGTGATGA	1140
	CCCTAGAGAA ATAGAAGAAC GTATCAAGTT AATGATTCCG CTAGCTAACC AATTTTAAGG	1200
40	AGGAGTTAAT CAATGGCAGT ATTAGAAGGT ATTTTGAAG AATTAAACT ATTAATAAG	1260
	AACTTACGTG TGTTAAACAC TGAACATCA ACTGTAGATT CATCAATTGT ACAAGAGAAA	1320
	GTAAAGAAG CACCAATGCC AAAAGAAGAA ACAGCTCAAC TGGAATCAAT TGAAGAAGTT	1380
45	AAGGAACTT CTGCTGATTT GACTAAAGAT TATGTTTTAT CAGTAGGAAA AGAGTTCCTT	1440
	AAAAAAGCAG ACACTTCTGA TAAGAAAGAA TTTAGAAATA AACTTAACGA ACTTGGTGCG	1500
	GATAAGCTAT CTACTATCAA AGAAGAGCAT TATGAAAAA TTGTTGATTT TATGAATGCG	1560
50	AGAATAAATG CATGAAGCTA GATCACTCAA ATAGAGCTCA TGCAAAGCTT AGTGCAAGTG	1620
	GAGCAAAACA ATGGCTAAAC TGTCCACCGA GTATTAAGGC AAGTGAAGGT ATTGCAGATA	1680

55

GTCTTAAATA TGAAGGCCTA ACACAGTTTG AGTTTAATAA AGCTTTTCAA AATTATAAGC 1800
 GAAATCAATA TTACAGTGAA GAGTTGCGCG AATATGTTGa AGAGTACGTA GCTAATGTAG 1860
 5 AAGAAAAGTA TAACGAGGCT TTGaGTAGAG ATGACGATGT AATAGCTTTA TTTGAAACAA 1920
 AATTGGATyT AGGTAAATAC GTCCCTGAAT CTTTGGTay TGGTGATGTC AcTATATTTT 1980
 CAGGTGGTGT ACTTGAAATT ATTGACCTTA AATACGGTAA AGGCATTGAA GTTTCAGCTA 2040
 10 TAGATAATC 2049

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 292:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 942 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 292:

ATGATGTTTC TATATTCGTA TTAGGAAAAC CTGTTGGTAT TACAACAAAC GCCCTAAAAT 60
 25 TACAATACCG CTGCTCCTAT ACCAATTGCA ACAACAGTTT TAACTGAAAT ATCTTGTTTT 120
 TTCATCTTCA TTA CTCTTt ACATAAAAAA TTCATTATAT TGATGGTGCT TTAGATAAAT 180
 GAATCGTCCA ATCATTTCCTA GTACCAATAT GATATAAATC TGAAAATGAG TCTTGATTGA 240
 30 CTGCTACACC AATATTTACT AGCGAGTTAA CATAACAAG AGGTTACCCC ACATTAACAT 300
 CTGCAACGA TCGCGCAAAT TTAATAATAT TTTGATAGAC TTTCTTATCT TGATGATAAA 360
 TTGTTACCAC CAAATTATTA CCATGAACAA TTTCCAAGGA TTTTAAGAAT GCCAATGGAA 420
 35 TATTTGTCCA TAATGACCCA AATCTGATAT CTAAAATATC AATGCTTCCT GTAACAGAAT 480
 CCTCATTTTT TGTCACCTCT CTTATTTCTA ATGCCTCAAT ACTATCAACA TTAATTGCCT 540
 40 GACCGAGACG TTCAAACGCT ATCTTATTTG CAGCTAATCT CGCACCATTG TATGCATAAA 600
 CATCTCTACC ATGAAAAGTA TGACTTTCTT CCGAATGAGG CAATCGGCTT TTA CTTCAT 660
 CAATTTTCGAT AACTTTTTTA ATACCTTCGT AATGTTTAAT ATGACTTAAA GAACCATTAT 720
 45 CAGGTGTAAT AATGTAATGA CCTGAATATG TTAAGCAAGC AATGTCCGCC TATCACTACC 780
 TACACCCGGG TCTACCACTG ATACAAArAC TGTGCCTTTA GGCCAGTATT TTACAGTTTG 840
 ATATAAACGA TATGACGCTA CCCAAATGTC ATACGGTGGT ATATCATGCG TTAAGTTTTT 900
 50 AACACGTATA TCATCATTAC AGTATATGCA ACTCCATACA TT 942

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 293:

(A) LENGTH: 1268 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 293:

10	TGTAATAAAA TTTTATGnAA CATGCTGnGA TGCTACCATG AACCTTCTTC ATTTCTTTAT	60
	GTGAGATTGT GaAATTAATC AAATAATAAT ACGGTGGATA CTTTCCTAAT TTACGATATT	120
	CCATTTCTTG ACGATAAAAT GTTAAATAAT CATTTTTTTG AACATCCAAT ATTGAATAAT	180
15	GATCTGGATT ATACGTTTGA ATGATGACTT GACCTGCCTT TTCATGACGA CCAGCTCTAC	240
	CAGCCACTTG CGTTAATAGT TGATAAGTAC GTTCGCTCGC CCGAAAATCA GGTAAATTTA	300
	ACATTGTATC TGCATTCAGC ACACCAACTA AAGTAATATT TGGATAATCT AATCCTTTTCG	360
20	CAATCATCTG AGTACCTAGT AAAATGTCAC CGTTACCTTT TTCGAATTCA GTCAATAACT	420
	TTTCATGTGC ACCTTTCTTT GAGGTTGTAT CTACATCCAT CCTAATTATG CGCGCATCTT	480
	CAAATTCTTG TTGCAATAGT TCTTCAACTT TCTGAGTACC AGTACCTACT TGTCGAATGT	540
25	GTTCACTCTC ACAATTGGA CATTGATTCTG GTGGCGTCTC TTGGTAACCA CAATAGTGAC	600
	ATTTTAATAA GTCTGTCGTT TTATGATACG TTAATGAAAT ATCACAGTTT GGACATTGCG	660
30	GTACATATCC ACAATCCCGA CATAACATAA ACGATGCATA ACCACGTCGA TTTAAAAATA	720
	AAACAACCTG TTCCTGTGCA TCTAATCTTA ATTGTATGGC TTCACGTAAA TCTTTTGAAA	780
	ACATTGACCG ATTACCTTCA CTCAATTCTT CACGCATGTC TACTATATCA ATTTCAGGTA	840
35	AAGCTTGTG GTTCACTCTG TTTGGTAATG ATAGCAAATG ATAAACGCCT TTTTCAGCTC	900
	GTGCATAACT TTCAAGACAT GGTGTTGCAC TTCCTAAAAT GACTGGACAG TGATGATATT	960
	CAC ^T TCGCCA TTGGGCAATT TCTCTAGCGT GATATCTCGG ATAATCTTCT TGTTTATATG	1020
40	TAGATTTCATG TTCTTCATCA ATGATGATTA ACCCTAAATT TTTGAAAGGT GCGAACACAC	1080
	TTGACCTTGC ACCAACACTT ACTCTCGCAC GACCATCCCT AATTTTTTGC CATTTCATCAT	1140
	AACGTTCCCC ATTAGATAAG CCAGAATGTA ATACAGCAAC GTCATCACCA AATCGACGTT	1200
45	TGAAGCGTAA AACCATTGTC GGTGTTAGAG CGATTTTCAGG AACTAACATC ATCGCCTGTT	1260
	TTCCTTGG	1268

50

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 294:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 629 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double

55

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 294:

5 TACCACCAAA TAATATATTA GCTGGCATT TAATAACATT TAnATTGTGTC ATGATATCAT 60
 CAATAAAATG TTGAAACTTC GTAATTTTAC CTTCATAATC ATCAATTGCT GCTAATTGCG 120
 CACTCGATGC TTGCTGATCT AAATTTAAAA TATTGACAT GCGTTGACTA TAATAAACTA 180
 10 AATGTTCTAT TAAGCCATCG TCACTCTTTT CCTTTGGTGC TGACATGACA GCGATACGTT 240
 TCAAAGGATA GTGTTGCGCC AATTTTAATG TCATTAATCC ACCTAAAGAC ACACCCGTTG 300
 CACTGATAGA TTCATAACCT TCATTGACTA AAAATTGGTA AGCTTTCTCA ACTTCTTCCC 360
 15 ACCAATCATC TACATTATAT GTCATGAAAT CTTTCAACAA TAAACCATGA CCTGGATAAT 420
 TCGGTGCATA ACAACTAAAT CCTTGGTCAT TTAAGTCAGC TGCAAGATGC TTCACATCCC 480
 GATTTGTACC TGTAATGAA TGTAATAATA ATATCGCATG TCCATTGTG CCTTTTAAAT 540
 20 ACGTGGACTC GGTGTTTTAA TTCTCATTTT TctaTATAcC TCCACTatGT CTAAAGakGT 600
 TkGCTAAACG CGTTGtCGTC GATGATTAA 629

25 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 295:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2817 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 30 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 295:

35 TATGAAAGTA ATGAATGGTA ATATTATTAA ATTTGATGGA AAAGTAGATA TTGATAATGC 60
 AGATFAATATC GGTTTTTTAA TTGAGCATCC TAAATTATAT GATAATAAAT CAGGATTGTA 120
 TAACCTGAAA TTATTTGCAC AAGTATTAGG TAAGGGTTTT GATAAAGCAT ACACAGACAA 180
 40 AATTATAGAT GCATTTGGTA TGAGACCTTA TATTAAAAAG AAAGTTAAGA AATATTCAAT 240
 GGGGATGAAG CAAAAGTTAG CAATTGCAGT ATCTTTAATG AATAAACCTA AATTTTAAAT 300
 45 CTTGGATGAG CCTACAAATG GkATGGATCC AGATGGCTCa ATTGATGTGC TGACTIONAAT 360
 TAAGTCTTTA GkAAATGaAC TTGATATGAG AATTCAATA TCAAGTCATA AGTTAGAAGA 420
 TATTGAATTA ATTTGTGATA GAGCTGTATT TTTAAGAGAC GgNCATTTTG TTCAAGATGT 480
 50 AAACATGGAG GAAGGTGTTG CATCTGACAC AACGATAGTT ACTGTTGATC ATAAAGACTT 540
 TGATAGAACT GAAAAATATC TTGCAGAGCA TTTCCAATTA CAAAATGTG ACAAAGCAGA 600

55

	ATTAGATATT TATCCGAAAT ATATTGAAAC ACGTAAAAGT TCATTGCGTG ATACGTACTT	720
	CAATATAAAT CAAAGAGGTG ATAAATAATG AGAATTTTAA ATTTAGTTAA GTATGATTTT	780
5	TATAGTATAT TTAAaArTCC TTAAACATAT TTAGCGaTAC TAGTCGTATC TAGTTTGATT	840
	GCAACTCAAA GTATACTTAT GGCAAATTCG ATGGATAACC CGAAACATAT TATTGTCTAT	900
	GGATCTGTAT TTGCTGCAGC AAAATGGTTA TTGTTAATAA TTGGATTAAT GTTTGTTGTT	960
10	AAGACAATTA CGCGTGATTT TTCACAAGGT ACAaTTCAAC TATATATGAG TAAAGTTAAA	1020
	ACACGCGTTG GATACATTAT TTCGAAAACA ATTTCAATTa TTTTAATTTT AATATTATTT	1080
15	GCATTAATTC ATTATGTGAT TTTGATTGTT GTGCAGGCAT CTAGTAATGG AAAAAATTTG	1140
	GCCTTTTCTA AATATGTAGA TAATTTATGG TTCTTCCTAA TCTTTTTACT ATTCTTTGGC	1200
	TTGTTTTTAT TCTTAATCAC ACTTGCATCA CAAAAAACAG CAATGATATT TTCATTAGGT	1260
20	GTATTTTTAG TACTCATTGT ACCGTTTATT AAACCTTTTA TTACATTTAT CCCAAGATAC	1320
	GGTGAAAAAG TTTTAGATGC TTTTGATTAT ATCCCTTTTG CTTACTTAAC TGATAAAATG	1380
	ATTAGCTCTA ACTTTGATTT TAGCAATTGG CAATGGGTAA TTTTATTAGG TTCTATAGTG	1440
25	ATATTCTTCA TTTTGAATAT CTTATATGTC GCTAAAAAAG ACATyTAATA AAAATAATTT	1500
	TGAGGTTGGG AATTTTAAAT TTTCCCAACC TCAAAGTTTG TCTTATTGTA AATTTATTTA	1560
	TTTTCTAATT TATTTAGGAT GGAATTATAA ACTGCTTTCC AAAATGAAGC GTCAGTTTTA	1620
30	TAGCGGTTTG ATATAACTAA GTGTGTTTCT TTTTCTAAAT CTGCATAGTC TGGATGATCT	1680
	TTGCTCGGTA ATTTATCAGC ACGAACATCA GTTACAAATT TTTGGACTTC ATTTGCTCTT	1740
35	GGTCCCCAAA CTGTTTCTTG TTCGAATTGA TCATTCAAGA ATACGAAGAT AGGAATTGCA	1800
	CGTGATTTAC CATTTGTAA ATATTGATCG ATCAGTTTTG TATCATCATC TCTATGGAAC	1860
	ACGCGTACTT CTAAATTTAA TGCTTCACTG ATGTGTTTTA GAATTGGGAG ATTCATCATT	1920
40	GCATCTCCAC ACCAGTCTTC AGTAATTACT AATACTTTAG AATAATTCAT CTCTTTTATT	1980
	TTTTTGATGC GTGAATCATC TTCTGGTAAC TCAAATGATT GATAGATACT GAGAACGGTA	2040
	TCTTGATTG TCTTCATTCC ATCAATGTAT TCATTTAAGG GTTGGCTATT TTTGAAATAA	2100
45	GTTTCTAAAT TTGTCATTGT AAAAACCTCC TTTAGCATTT ACAACATTAT ACCAATTTAT	2160
	AGTAATAAAA GGTAATGAAA TAAATTAATT GCAAATTCCT TGTTAATTTT TGTTAAGGAT	2220
	GAAACGGGAA GCACCTTATG CTATATTTAA ATAAGTACAA AGAAAGGGTG ACATCAGTGC	2280
50	GTATTCAAAA TCGCTGGGTT GTGTTTATAT TATTTTAAAT CTGTTCTTTT GGTGTATTAA	2340
	TTGTTTATA TCAATATCGT CATACGAAAA CTGTGGATTT GTCTAATCTT GAAATAAACG	2400
55		

TTGATCGTTT TAAATTTTAT AACAGTAAAG CTCACCCTGA TCTTACCGTT AAAGTGAGAG 2520
 AAAAGGATAA CATCGTTAAG GGGATAATAT TAGTAAGAGA TGAAAAGATA CATACTAATT 2580
 5 TTGATGGGGG AATTGGTTCG CCGATAAATA ACGCgATTGA AAATCTTGGa TTCgGATATA 2640
 AAAGrACaAA AGTTGGCaAT GrtTkCtCAT CgGTAAAGTA TATTGATAGA GATAACCATT 2700
 TAAAATTAAA CTTACTTTAT CAAGATTTAG AAATTAAACG TATTGAATTT TTTAGTAAAT 2760
 10 AGCTTTAGGT CTTAAAGTTw TAAAAACGA ATGAaTAATT TTATTGGGAT GAGTGAC 2817

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 296:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1607 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 296:

TCTGTTAAAA TGATTTTCT TTTAnAAAGG CCGhAAATCA ATGTTTCGATT nTTATTTGCA 60
 25 TTATGGTCTC GATATTGGTA GAATATCAAA TGGTTAAATG AGAAAACTT GGAGGTGCTC 120
 ACATGTCATC AATCGTAGTA GTTGGGACAC AATGGGGAGA CGAAGGAAAA GGAAAAATAA 180
 CGGATTCTT GGcAGAACAG TCAGATGTTA TCGCGCGTTT TTCAGGTGGT AATAATGCAG 240
 30 GCCATACCAT TCAATTTGGC GGAGAAACAT ATAAATTACA TTTAGTACCA TCTGGTATCT 300
 TTTACAAAGA CAAATTAGCG GTAATCGGTA ACGGAGTCGT TGTGATCCA GTTGCACTAT 360
 TGAAAGAATT AGACGGATTA AATGAACGTG GCATTCCTAC AAGTAATTTA CGTATATCTA 420
 35 ATCGTGCGCA AGTGATTTTA CCATATCACT TAGCACAAGA TGAATATGAA GAACGTTTAC 480
 gTGGgGACAA TAAGATTGGT ACAACTAAAA AAGGTATCGG TCCAGCATAT GTAGACAAAG 540
 TTCAACGTAT CGGTATTCGT ATGGCAGATT TACTTGAAAA AGAAACATTC GAAAGATTAT 600
 40 TAAAATCAAA CATTGAATAT AAACAAGCAT ATTTCAAAGG TATGTTTAAC GAAACATGTC 660
 CATCATTTGA TGATATCTTT GAAGAATATT ATGCAGCAGG TCAACGTCTA AAAGAATTTG 720
 45 TAACAGACAC ATCAAAAAATC TTAGACGATG CATTGTAGC AGATGAAAAG GTACTTTTCG 780
 AAGGTGCGCA AGGTGTAATG TTAGATATCG ACCATGGTAC ATATCCATTC GTTACATCAA 840
 GTAATCCAAT TGCAGGTAAC GTTACTGTTG GTACAGGTGT AGGTCCTACA TTCGTTTCAA 900
 50 AGGTAATTGG TGTATGTAAA GCTTATACAT CACGTGTTGG TGATGGTCCA TTCCCTACTG 960
 AATTATTGCA TGAAGATGGA CATCATATTA GAGAGGTTGG TCGTGAATAC GGTACAACAA 1020

TAAGTGGTAT TACAGATTTA TCTATTAACT CAATCGATGT TTTAACAGGC CTAGACACAG 1140
 TGAAAATCTG TACAGCTTAT GAATTAGACG GTAAAGAAAT TACTGAGTAC CCAGCAAAC 1200
 5 TAGATCAATT AAAACGTTGT AAACCAATCT TTGAAGAGTT ACCAGGTTGG ACAGAAGACG 1260
 TAACAAATGT GCGTACTTTA GAAGAATTAC CTGAAAATGC ACGTAAATAT TTAGAGCGTA 1320
 TTTTCAATAT ATGTAATGTA CAAATTTCTA TCTTCTCAGT TGGTCCAGAT AGAGAACAAA 1380
 10 CAAACCTATT AAAAGAATTG TGGTAGAACT TTATATAAGT CATACACAAT GATTATAAAT 1440
 ACATGAGCCT TCTATCTTTA TTGGTAGGAG GCTTTTGTGA TGCTTGCTTC TGTATCGATT 1500
 CGATTATTTA GATAAAAAAT ACTAACGTAA AGGCGATATT TGCTAGTCAT AATTTAGAAG 1560
 15 rTTAgATGat AtTtAACGAA AAtTAAGATG anATACTTGA ATGGTAA 1607

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 297:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3055 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 297:

TTAGAAGTAA GCACTTTAAT ATCTTTACCT ACCCATGTAC CAACACCTTC TTTAGGCTTT 60
 30 GGATTTTCAG CATGGTTATT TGATTIATTC ACCTGTTTAC ATCTATTTAC TTTATTACCT 120
 TTATTCGGGT TCTCTAATAC ATCAAATTTT AATCTCGGTG AATAAAAAAG ATATATTAAA 180
 AATCCAATA AAAATAATAC ACCGACGACT CTTATAATTA ACTTTTTTCAT CAATCAACCA 240
 35 CCTAAAAAGT ATTAATACTA TTGTAAAAAA CAACACATTA ATTAGCAAAT TTTCAACACT 300
 GACATAACTG TGTCGTTTCG ATAAAAACAA ATCATCTTCA GGCATAATTT TAACGTCATA 360
 AAGATTTTCC CTACACTCTA TATCATAACC TATCTTTATG TTTTCAGGTT GAATTTTCATT 420
 40 ATTAAGATTA AAATATGTAT AAAAAAATGG ACAGTTAAGG TATCAAATGA ATACCATCAA 480
 CTGTCCGACT ATTCTTCATC AAAAAACCTG ATAAAAACAA TTGCCTTATC AGATTAGTAT 540
 45 CATTGTGATA AGCATATTAA TGACCAAATG TTGCTTTAAT CAGTGATGTC GTTTCTCCAC 600
 CTGGATATAA TACATATAAT AATAAGTAAA CTGCTACACC TGTAATTGCA GTACAGAACC 660
 ATATAACTGA AGCGAATGGC CCGAATTTGC GGTGTACATT ATATTTATCT TTAAATGCAG 720
 50 TAATAATTTG AACTAGGCCT AGAATACCAC CAATTGTTGC TAAATTAATG TGGAAAAATA 780
 AGAAAAATCGT ATAATATTTT TTAATTGATG CTGGTCCGCC AAATGCTGTA TTACCGATAA 840

	TAACATTTTT GTGTTTATTT ATTTCCCTTT TCCAAATAAG TCTCCAACCA ATGGCAATTA	960
	AAATGCACT AATGACAATA CATGTCGTAC TAATCGTTGG TAAAATTGGA ACGCCCATAT	1020
5	TTTTCATCCT AACTTAATTA ATCTAGATCA AAGTAAGTAA TGAAACAATC ACAGCTAACA	1080
	CGAAAAAGAT CACTAAATAA TTTAGTGAAT ATATAACAT TTGTGTGCC CATTTTGTTT	1140
	GATCTGAATT TTTCTTAAAT GTTGTTAAAC CTAATGCAAT CCATCCTAAA TTTAATAAGG	1200
10	TGGCTAACAC TACGAATACG ACACCTAAAT TTATTAGTAA TAAAGGTACT GGCAATAAAA	1260
	TAATCAACCA GATAAACATA CTGACACGTG TACGTTTAAA GCCCTTAACT GATGGTAACA	1320
	TTGGAATATT TGCAAGTGCA TATTCATCTT TACGTTTAAAT AGCTAAGGCA TAAAAATGAA	1380
15	TTGGGTGCCA ACMAAATACA ACTAAAAACA GCGCAATCGC TGTTAACTA ATTTGTCCTT	1440
	CAATTGCAAC CCATCCAATT AGTGGTGGTA CTGCTCCAGG AAAACTCCCA ATCACTGTGT	1500
20	TCCATGTTGT ATGTCTTTTA GACCATATTG AGTAATAAGA CACATAACCT ACAATCCCCA	1560
	TAAGACCAAG TACGCCTGAT GGTATATTCA ATAAAAACAA ACAATTCTT CCAACTAACA	1620
	TCATACCAA ACTTAATAGT AATAAATTTT GATCTGTAAT TCTATTATT ACAGTTGGTC	1680
25	TATTTTGTTT ACTAGGCATA ATACGATCAA TATCTTGGTC GTAATAATTA TTTAACGCAC	1740
	ATGCCGCCACC CATAATTAAA GTAGATCCAA ATAGCATTAA TAAAATTGA GGTATTGATG	1800
	ATAAGAAGGA ATGATTTGTC ATTACAACCTG CTAGCCATGC GCCCGCAAAA GCCGGAATTA	1860
30	AGTTACCTTG AACAAGTCCC ATTTTAATTA TCTGTTGCAA TTCTTTGAAG TTAACCTGTC	1920
	TAATATTTTG TGACMAAGTA TGCTCTTTCG TCATAATCCC CCTCCTTAAA TTTGTTTATA	1980
	TAAGATTATG ATATCTTAGA TTGCATAAAA AGACTAGGTT TAATAAAATT AAATTGTGAC	2040
35	AAATTAACGA CAAGAGAAAA TGTCAATTTT GTGACACAAA TAACATTTAA TTTATTGCTA	2100
	TAATGTATAT GTTAGAAAAT TTTAATAAGT AGAATCATGC ATCTAAAAGA GATTAATATT	2160
40	TAAGCTTCAA ATTTGAGTAA ACGTGGATTA CATAATTATC CCAATAAAAA AATCATTACG	2220
	ATTAAGTTCT TTTTATGTCG TCCACATACA ATACTTGTA AATTAAATCA TATTTCTGTC	2280
	GTTGGATCCC ATCTTTTCAT ATCCTACAAT CAGGTCTATT TATAGTATCA TCTCAAATCC	2340
45	GGCTATTAAT TCTAATTCTC AGTGATGCGT TTTTATGA TGGGGTGTAT AAATTGTTTG	2400
	GCAAAAAGAA TTTAAAATGG TTAGGTGTCG TAGCAACGTT AATGATGACA TTTGTACAAC	2460
	TTGGTGGAGC CTTAGTTACC AAAACCGGAT CAGCTGATGG TTGTGGTTCT TCTTGGCCAC	2520
50	TATGTCATGG TGCGTTGATT CCAGAATTCT TTCCTATTGA TACGATTATT GAGTTAAGTC	2580
	ATAGAGCCGT TTCAGCTTTG TCTTTATTAA TGGTCTTATG GTTAGTTATC ACTGCATGGA	2640

55

TATTGCAAGC ATTAATCGGA GCTGCTGCTG TTATTTGGCA AAAAAACGAT TACGTTTTAG 2760
 CATTGCACTT TGGTATATCA TTAATCAGTT TCTCATCTGT ATTTTAAATA ACATTGATTA 2820
 5 TTTTCTCTAT AGATCAAAAA TATGAAGCTG ACGAATTATA TATCAAAAAG CCATTAAGAC 2880
 GTTTAACATG GTTAATGGCA ATCATCATTT ATTGTGGTGT TTATACTGGT GCACTAGTGa 2940
 GACATGCCGA TGCAAGTTTA GCATATGGTG GTTGGCCATT GCCATTACCA CGATCTTGTA 3000
 10 CCACATTCAG GAACAAGATT GGGTTCAACT CACGCATCGT ATCAAGGTCn nTTAA 3055

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 298:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 748 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 298:

TTCTTATTTA AAGAAGTCAT TTTTAGAAAT TGTTGAGACT TTAAAAATG ATCCGTATAA 60
 25 AATAACACAA TCTTTTGAAA AATTAGAGCC TAAATATTTA GAGCGATATT CAAGAAGAAT 120
 TAACCATCAG CACAGGTCG TCTATACCGT AGATGATCGA AATAAAGAAG TATTAATACT 180
 ATCGGCATGG TCACATTATG ATTAATGAAT ATTCAATATC TGAATAACTT TAATGATAAG 240
 30 TTAATTAAAG AAAC TAGTAT TTAAGTGTAG GGAAATAGC GACGTTAATG CGTTGTTATC 300
 TCTACACTTT TTAATTTTAT AATAGCGCAA GACTAAACAG ATTGAAATTA GTAACAATAA 360
 AAGAATAACG TATTATAATA AGGAATTTTA AATTGTGACT TTTTCGGAAT ATTAAATTTT 420
 35 AGAAATATGA GGTTTTTAAG CGGATTCCTC ACAAATTTT AAAAATATTT AAGCCTGAAA 480
 ATGATAAAGC GGTAGGGAAC GTTTTCTGA AaGTTAGTGA TACAATAGTT TTAAGTTGAA 540
 40 ATACAGGAGG ATGAATAACA TGAATCAGTC AGTCAAATTA CTAAACATT TAACAGATGT 600
 AAACGGCATT GCTGGTTATG AAATGCAAGT TAAAGAAGCA ATGCGTaaCT ATATAGAGCC 660
 TGTCAGTGAT CaATTATTG AAGATAACTT GGGTGGCATT TTTGGAAAGA AAAATGCTGA 720
 45 GAATGGTCAA TACTCAATTA TGGaTTTC 748

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 299:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4718 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 299:

	ACCTCCGAAT AATTGATTCC ATTAACTTTT TTTGTGAAAA AtTTAAACAG GCGAAGTCTT	60
5	CAATAAGTGA AGATGTCCAA ATTATAAAAA ATACATTCCA AAAAGAAAAG TTAGGTACAG	120
	TAATTACTAC YcTGGCGCAA GTGGTGGTGT TACGTATAAA CCAATGATGA GTAAAGAAGA	180
	GCGCACTGAA GTTGTTAATG AGGTCATTAC TCTATTAGAA GAGAAAGAAC GTTTGTTAcC	240
10	TGGCGGATAT TTATTTTTAT CAGATTTGGT AGGTAATCCA TCGCTACTAA ACAAAGTTGG	300
	TAAGTTAATT GCCAGTATTT ACATGGAAGA AAAATTAGAT GCTGTTGTTA CCATTGCGAC	360
	AAAAGGTATT TCATTGGCAA ATGCGGTTGC TAATATTTTA AATTACCAG TAGTAGTGAT	420
15	TAGAAAAGAC AACAAGGTGA CTGAAGGTTT TACAGTTTCA ATTAATTACG TTTCAGGATC	480
	TTCAAGAAAA ATAGAAACAA TGGTACTTTC GAAGAGAACT TTAGCAGAAA ATTCAAATGT	540
20	TTTAGTTGTC GATGATTTTA TGAGGGCTGG TGGCTCTATT AATGGTGTTA TGAATTTAAT	600
	GAATGAGTTT AAAGCCCATG TAAAAGGGGT ATCAGTACTT GTAGAATCAA AAGAAGTTAA	660
	ACAAAGATTG ATTGAAGATT ATACTTCCTT AGTGAAATTA TCTGATGTAG ATGAATATAA	720
25	TcAGAGTTT AACGTAGAAC CTGGCAACAG TTTATCTAAG TTTTCATAAA AGGAGTTTTA	780
	GTATTATGAA AATCATTAAC ACAACAAGAT TACCGGAAGC ACTTGGACCA TATTGCGATG	840
	CAACAGTTGT GAATGGTATG GTTTATACTT CTGGTCAGAT TCCATTGAAT ATTGATGGAC	900
30	ATATCGTAAG CGCTGATGTT CAAGCACAGA CAAAACAAGT TTTAGAAAAT TTAAAGGTTG	960
	TTTTGGAAGA AGCAGGATCT GATTTGAATT CTGTTGCGAA AGCGACCATT TTCATTAAAG	1020
	ATATGAATGA TTTCCAAAAA ATAAATGAAG TGTATGGTCA ATATTTTAAT GAACACAAGC	1080
35	CAGCGCGTAG TTGTGTAGAG GTTGCGCGTT TGCCAAAAGA TGTGAAAGTA GAAATTGAAT	1140
	TAGTAAGTAA AATTAAGGAA TTATAATTTT CGATTAATAT GTTTAATCAA GCTTCTAAAT	1200
40	AAAACAGAGA GATATATACT ATAGGGGGGC TCACTACATG AAAGTGACAG ATGTAAGACT	1260
	TAGAAAAATA CAAACAGATG GACGAATGAA AGCACTCGTT TCCATTACAT TAGATGAAGC	1320
	TTTCGTAATT CATGATTTAC GTGTAATTGA AGGAACTCT GGCTTGTTCTG TTGCAATGCC	1380
45	AAGTAAACGT ACACCAGATG GTGAATCCG CGACATCGcg CATCCTATTA ATTCAGATAT	1440
	GAGACAAGAA ATTCAAGATG CAGTGATGAA AGTATATGAT GAAACAGATG AAGTAGTACC	1500
	AGATAAAAC GCTACATCAG AAGATTCAGA AGAAGCTTAA TCAATTTTAT ATTTAGCGAT	1560
50	GTAATACATT TGCAATAAGT TGATTTGATA CTGTCGATAA AGCATAAAGC TTTGTCGGCA	1620
	GTTTTTTTAG TTTGTATTAA TGTTTTTTTA TTTTAAATGA AAGGCTAATA AATATATACG	1680

55

	TGATGCTCGT	ATTTTGAAG	TAAGAAAAA	GTTGTTTTTA	AAATTACAAC	GAATTAAAAA	1800
	CAATGCCTTT	TATATGTTGA	AAGAGTATTG	CaGATTAAAT	TaTAATAATG	ACGAaGgTAA	1860
5	AATTTAATGG	GGGTTAATGT	TCATGCGAAG	ACACGCGATA	ATTTTGGCAG	CAGGTAAAGG	1920
	CACAAGAATG	AAATCTAAAA	AGTATAAAGT	GCTACACGAG	GTTGCTGGGA	AACCTATGGT	1980
	CGAACATGTA	TTGGAAAGTG	TGAAAGGCTC	TGGTGTGCGAT	CAAGTTGTAA	CCATCGTAGG	2040
10	ACATGGTGCT	GAAAGTGTA	AAGGACATTT	AGGCGAGCGT	TCTTTATACA	GTTTTCAAGA	2100
	GGAACAACCTC	GGTACTGCGC	ATGCaTGCA	ATGGCGAAAT	CACACTTAGA	AGACAAGGAA	2160
	GGTACGACAA	TCGTTGTATG	TGGTGACACA	CCGCTCATCA	CAAAGGAAAC	ATTAGTAACA	2220
15	TTGATTGCGC	ATCACGAGGA	TGCTAATGCT	CAAGCAACTG	TATTATCTGC	ATCGATTCAA	2280
	CAACCATATG	GATACGGAAG	AATCGTTCGA	AATGCGTCAG	GTCGTTTAGA	ACGCATAGTT	2340
20	GAAGAGAAAG	ATGCAACGCA	AGCTGAAAAG	GATATTAATG	AAATTAGTTC	AGGTATTTTT	2400
	GCGTTTAATA	ATAAACGTT	GTTTGAAAAA	TTAACACAAG	TGAAAAATGA	TAATGCGCAA	2460
	GGTGAATATT	ACCTCCCTGa	TGTATTGTG	TTAATTTTAA	ATGATGGCGG	CATCGTAGAA	2520
25	GTCTATCGTA	CCAATGATGT	TGAAGAAATC	ATGGGTGTAA	ATGATCGTGT	AATGCTTAGT	2580
	CAGGCTGAGA	AGGCGATGCA	ACGTCGTACG	AATCATTATC	ACATGCTAAA	TGGTGTGACA	2640
	ATCATCGATC	CTGACAGCAC	TTATATTGGT	CCAGACGTTA	CAATTGGTAG	TGATACAGTC	2700
30	ATTGAACCAG	GCGTACGAAT	TAATGGTCGT	ACAGAAATG	GCGAAGATGT	TGTTATTGGT	2760
	CAGTACTCTG	AAATTAACAA	TAGTACGATT	GAAAATGGTG	CATGTATTCA	ACAGTCTGTT	2820
	GTTAATGATG	CTAGCGTAGG	AGCGAATACT	AAGGTCGAC	CGTTTGCGCA	ATTGAGACCA	2880
35	GCGCGCAAT	TAGGTGCAGA	TGTTAAGGTT	GGAATTTTG	TAGAAATTAA	AAAAGCAGAT	2940
	CTTAAAGATG	GTGCCAAGGT	TTACATTTA	AGTTATATTG	GCGATGCTGT	AATTGGCGAA	3000
40	CGTACTAATA	TTGGTTGCGG	AACGATTACA	GTAACTATG	ATGGTGAAAA	TAAATTTAAA	3060
	AcTATCGTCG	GCAAAGATTG	ATTTGTAGGT	TGCAATGTTA	ATTTAGTAGC	ACCTGTAACA	3120
	ATTGGTGATG	ATGTATTGGT	GGCAGCTGGT	TCCACAATCA	CAGATGACGT	ACCAAATGAC	3180
45	AGTTTAGCTG	TGGCAAGAGC	AAGACAAACA	ACAAAAGAAG	GATATAGGAA	ATAATCATTT	3240
	ACGTATTTAA	AATGGCTAGG	ATAAAAGGAT	AATCCTATGT	AATATTAATG	TAATCTTTAT	3300
	GATTTAATGA	TTGCGATAGT	AATGGAGTTA	CATyTTATAT	ATAATAGTAA	TTGCGTAAGT	3360
50	AAATAATTGG	AGGACTATAA	ATGTTAAATA	ATGAATATAA	GAATTCGTCA	TTAAAGATTT	3420
	TTTCATTGAA	AGGAAACGAA	GCATTAGCGC	AAGAAGTTGC	TGACCAAGTA	GGAATTGAAC	3480

55

GTATTCGTGG TTGTGACGTA TTTATTATTC AACCAACATC ATATCCTGTG AATCTACATT 3600
 TAATGGAATT ATTAATTATG ATTGAATGCTT GTAAACGTGC TTCTGCAGCA ACAATCAATA 3660
 5 TTGTAGTGCC ATATTATGGA TATGCAAGAC AAGATAGAAA AGCCCGTAGC CGTGAGCCAA 3720
 TCACTGCTAA ATTAGTTGCA AACTTAATCG AAACAGctGG CGCAACTCGT ATGATTGCGT 3780
 TAGACTTACA TGCACCACAA ATTCAAGGAT TCTTTGATAT TCCAATTGAC CACTTAATGG 3840
 10 GTGTGCCAAT TCTTGCTAAA CATTTCAAAG ATGATCCGAA TATTAACCCA GAAGAATGTG 3900
 TCGTTGTTcA CCAGACCATG GCGGsnTTAC ACGTGCACGT AAATTAGCTG ACATTTTAAA 3960
 AACTCCAATT GCAATTATAG ATAAACGTCG TCCTAGACCA AATGTTGCTG AAGTGATGAA 4020
 15 CATTGTTGGT GAGATTGAAG GACGTACGGC AATTATTATT GACGATATTA TTGATACAGC 4080
 AGGTACAATC ACTTTAGCTG CACAAGCATT AAAAGATAAA GGTGCTAAAG AAGTATATGC 4140
 20 TTGTTGTACA CACCCTGTTT TATCAGGACC GGCTAAAGAA CGTATCGAAA ATTCTGCTAT 4200
 AAAAGAATTA ATCGTAACAA ACTCAATTCA TTTAGATGAA GATCGCAAAC CATCTAACAC 4260
 TAAAGAATTA TCTGTTGCTG GTTTAATCGC ACAAGCTATC ATTCGTGTAT ACGAAAGAGA 4320
 25 ATCAGTTAGC GTATTATTTG ACTAATATTT AAAAGGCGTT TGACGAACAT ATTCCAAACG 4380
 TGTATAATAG TTTCGTTTCGT GATTATACGA ATAAATAAAC ACTTGCAAGC AACGATGATG 4440
 TTGATGGGTA AGTGAGGTGC TCGTTTTGAG CAAAATGAA AGGTGGAAAT GAGAATGGCT 4500
 30 TCATTAAAGT CAATCATCCG TCAAGGTAAA CAAACACGTT CAGATCTTAA ACAATTAAGA 4560
 AAATCTGGTA AAGTACCAGC AGTAGTATAC GGTTACGGTA CTAAAAACGT GTCAGTTAAA 4620
 GTTGATGAAG TAGAATTCAT CAAAGTTATC CGTGAAGTAG GTCGTAACGG TGTTATCGAA 4680
 35 TTAGGCGTTG GTTCTAAAAC TATCAAAGTT ATGGTTGC 4718

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 300:

40 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 3181 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 300:

AAAATGCATA TAAATACATA TTAAGGAGGA TTTTATGAAT TTTCTTAAAC CTGCAAAGCA 60
 50 TATTAAGCCT TTGCCAGAAA ATCAGATAGA TGATACCTAT AAACGATTAC GTCTCCAAGT 120
 ATTTCTTGGT ATTTTCATCG GTTACGCTGG GTACTATTTA TTACGTAAAA ACTTTTCGTT 180

	TGCTGTTTCC ATCGCATATG GATTTAGTAA GTTCTTTATG GGTACTGTAA gTGATCGGAG	300
	CAATGCTCGG ATATTCTTAG TTCTTGGATT AGCACTCACT GCTATCGTCA ATTTGTTAAT	360
5	GGGATTTGTA CCGTTCTTTA CATCAGGTAT CGGTATTATG TTTGTCCTAT TATTCTTAAA	420
	TGGATGGTTT CAAGGTATGG GCTGGCCACC TTCAGGCCGT GTTCTCGTTC ACTGGTTTAG	480
	TGTAAGTGAA CGCGGAAGTA AGACTGCCCT TTGGAACGTT GCGCATAATG TTGGTGGAGG	540
10	TATTATGGCA CCTATTGCTG CTGCGGGTAT TACAACAACCT GCATTTATCA ACTTTGGTTA	600
	TTTAAAAGGT TTCGAAGGTG TATTCATTTA CCCTGCACTC TTAGCACTTA TCATTGCCGC	660
15	AATTTCATAC GTATTGATTA GAGACACACC TCAATCTCAA GGTTTACCTC CAATCGAAAT	720
	TTATAAAAAT GACTTTGCTA CAAGCGATAA GAAACATTA GAAACAGAAT TAACTACAAA	780
	AGAAATTTTA TTTAAATATG TACTGAACAA TAAATGGGTA TGGGCAATTG CCTTTGCAAA	840
20	TATATTTGTT TATTTCTGTC GTTATGGTGT ACTTGATTGG GCGCCAGTCT ACTTAAGTGA	900
	AGAAAAACAT TTCGACTTAA AAGCATCAGG TTGGGCATAC TTCTTATACG AATGGGCTGG	960
	AATTCCTGGT ACATTATTAT GTGGTTACAT TTCTGATAAA TTATTCRAAG GTCGTCGTGG	1020
25	ACCTGCAGGT TTCTTCTTTA TGTTAGGTGT CACAGTATTT GTATTAATTT ATTGGTTAAA	1080
	TCCTCCAGGC AATGCTTGGT TAGACAATGT CTCATTAATT GCCATTGGTT TCTTAATATA	1140
	TGGACCAGTT ATGTTAATTG GTTTACAAGC ATTAGATTAT GTACCTAAAA AAGCAGCTGG	1200
30	CACAGcAGCT GGATTAACAG GATTATTTGG TTATCTGTTT GGTGCTGTAA TGGCCAACAT	1260
	CGTCTTAGGT GCTGTAGTTG ATAAATTCGG ATGGGATGTC GGTTTTATTT TATTAACAGC	1320
	AATTAGTGTG TTTGCAATGT TGAGCTTTAT CCTCACTTGG AATAAAGTAG GACAAGAAAC	1380
35	CGTTCATCAT TAAATGATAA AAAATAAAGT CATATGGTTA TCTTATCGAA AGATGATATA	1440
	TTCTCTCTT ATAAGTTCAA CCATATGACT TTTTATTAGT ATTCAAAAAA ATATTTACAT	1500
	TGCCACTTTT GTGTTTGCCC TGCTGTTTTA TTCAATTGAT TACACCACTT AGGATAAACT	1560
40	CTAAAAGCCA TTTTCCCTTG ATACTTAGAT GAAGCTAAGA TACCTTTTTC TACCAATAAT	1620
	TCCCTAGGAA ATAGAAAGTA GCCATTTAAT TCATCATCGA TAACAGCAAC AATCAGGTAA	1680
45	TCAGCAAACCT CTTCAATTTT GTATGGCCGA TTATAATTAT CtTCGTCTTT TGTCCAACAT	1740
	GTCACGAAAT ATCCCGATTT AGTCGGTGTT TTCTTAGCTA ACCTACTTTG ATATGTTTCC	1800
	TCTTTAAAGC TAAATGTTAA TGCyTCGTAA TCTTGATTAT ATTTTCTTC AGTTAAATCT	1860
50	TTAACTTCTG ATTCTTCACT AAAAATATTT TTCAACAGTA TTTTAGATTT ACACATATGC	1920
	CAATCTCACT TTATTTTTTC ATAATCGTAT CATATATTTA TTTTTTTCGA AAAATACACT	1980

55

TGTATCAACT GTCAAACGAT CACGTAATAA ATAGACGATT AACATTGcTG CTAAAGCACA 2100
 AAGTGACTCA GCAATTAATA ATGACCAAAT GACACCTGTT AGTCCAAACA AAGCATTTCAT 2160
 5 AATAAATAAT ACTGGAATGA TAATTGCACC TTGTAAAATG GCCATAATTG TAGCACCACG 2220
 ACCTTGCCCA GTCGCTTGAA GCATACCAGT AAACAAGAAA CCTATACCAT TTAATAATAA 2280
 TGATGCCATT GTTACTTTCA AAATAAATGt CGCCATCTCA ACAATGGCTT GATCAGTAGT 2340
 10 AAATAGTCCG ACCATATGAT GTCCAATTGT AAATACAGCA CTCATACATA CAACAAAGAT 2400
 AACGCCGATA GACATGATAA CTGCTTTGAT AACGTCTTTC ATACGGCCTT TATTTGCCAT 2460
 AAAGTTATAT GCAATTAGTG GTACAACACC TTCACATAAT CCCATGATAA TAAGTTCTGG 2520
 15 aAATTGCACA AGTCTAAATG AGATACCATA ACTTGCaATC GCGAAGTTTC CATAATGTGC 2580
 TAAAAATAAA TTTAAAACTA ATCCTGTGAA TCCCATTAAG ATACTCATTa AAAATGCAGG 2640
 AATACCGATT TTAAAGATTT CAGAAAGCAT TTCTTTATTA GGTTTCGCAA GTTTAATATT 2700
 20 AACTGACACA ACGTCACTAT TTTTCATAAA ATAAATGATA AAGAACAGAG CAGCAGCAAC 2760
 ATTACTGATT GCAGTACCCA AAGCTGcACC AACAAcGTTT aAATCAAAAC CAAAAATTAA 2820
 25 AATTGGATCT AAAATAATAT TTAAGCCTAC ACTAGCTAAC ATACCAATCA TAGAAACCAT 2880
 TGGTGCCCCA ATTGCACGTG CAAATTGTTT TAATATGAAG AACAAAATTA CAAAAGGTGC 2940
 ACTTAAAAAC ATTACTTTCA AATAATTACT TGTTAAAGCT AACGTTTCAC CTCTCGCCCC 3000
 30 TAAATTGCT GCGATTGAT CACTGAATGG TAAAGTAACT AAAATCACGA TAAGTCCTAG 3060
 TGCAATACCA CCATAAATAG AGAACTACT TACAAATTTA CTCTTAmTAT AGTCTTTTCG 3120
 ACCTAATAAA CGTGAAATAT AAGTTcCTGC ACCAACGCCA AATAAATTAC CTAACCCCAT 3180
 35 T 3181

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 301:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4029 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 301:

TCATCACCTT CAAATAAATA GGCATGCGAT AATTTATTG AATGATATGC ATTCGTCAAT 60
 50 TGTGCTGTT CATCCATTCA TTACAACTC CCTTTGCTT TTATATAAAA AGGTTGCCAA 120
 AGAGCAACTA ATTACTGCAA CAATAGCGAC CATGATTTGT GATTATTTTT AGAACCACAA 180

	TTATTAATAC ACTATTTTAA GTATCTCTAA TTGATGATTG TATTATAGAA TTAAAATTGA	300
	TGGAATGCAT CAACTGGCAT AACAAATACA GTAGCACC GC CAACTTCAAC TTCAACTGGA	360
5	TATGGAATGT ACGAATCCGC ACTGCCTCCC ATAGGTGTAA TAGGTGAAAC CAACTGTTCT	420
	CTATTACCAC ACGTTTGATT AATCACAGAC AATATTTTCAT CTACACGGTC ATCATTGACA	480
	CCACATAAGA ATGTTGTATT ACCCGCTCTT AAAAACCAC CTGTTGTTGC CAATTTTGTT	540
10	GCTCTAAAGT TATTTTAAAC AAGTTGATCT GCAAGTTCCT GACTATCTTG ATCTTGACG	600
	ATCGCTATAA TCATTTTCAT TTTATAACAC CTCTTCTAAC AATTATATCA TATCTTTTCT	660
	AAATATTTGA TGATAGTTTG ATACGTGTCT TCAACAACAT TTTCAAGAGG TTGATCTGCA	720
15	TTAACGCTTT TGAACCGTTG TGATTCATTA TGAATGATTT CTTGGTAACC TTCAATTACT	780
	TTTTCGTGAA cTTTAAATCT TCTTGATCTA ATCTATTTTG ATCTCTTGAA TTTTAAATAA	840
20	TACGTTTCGC ACCTACTTCA GCACTAACAT TTAAATAAAT CGTCAAGTCT GgATATAATC	900
	CATTTATTGC AAATTCGTTT AATGCTCTTA CTCTTCAAC GCCAATCCCT CTAGCATAAC	960
	CTTGATAAGC TAATGAACTA TCGATATAGC GATCACACAA CACAACCTTA CCTTCTTTTA	1020
25	AAGCTGGTAT GACCTTTAAT ACAAGATGTT CTCTTCTAGA TGCAGCAAAT AACATTGcTT	1080
	CaGtCtAAT GTCCATATCA TTGCCcTTCT AATACAATTT TACGTATTTT TTCACCAGTA	1140
	GGAACACCAC CTGGTCTCT AGTCATAATG ACATCATAAT CTTTTACTAA TCTATGGTAA	1200
30	ACTTCATTAA TTACAGTTGT TTTCCAGAG CCTTCTGGGC CCTCAAAAGT TATAAAAGCT	1260
	GACATTTTAT TCATCCTCAA CTAAAATTTT ATTATTTTTA ATTCTTCAA CTATCATTCC	1320
	AGTTTCCAGA TATTCATTTA CCAATTCTAT CATATTTTCA GTTATTGTTT CTCCTTTGAA	1380
35	AATAATAGGA ATcCCTGGcG GATACGGGAC AATATGTCGC GCCAGAACTT TACCTTTgCC	1440
	TTTTCAAATC ACACCAAGTA ACATATTCAA AGCGTTTTGG TTTATAGTTA CCTTCAGTyG	1500
40	TTAAAAGTTG TGTTTGTTTA ACTTTAGAAA CTGATTTTTT CCGTAAAATC ATATCTTCAA	1560
	TTTTACGTAA AAGCGAATCA AATAAATACG TATCATCATG ATGCCATAAC GGCAATATCG	1620
	CTAATGCTTG ATAGTCGTCC GCTAATTCTA AATAGATATG TGCATTGATA AACCAATTTT	1680
45	GAATATCATG ACCTGTAAAA CCTTCATATT TTATCAGCAA CTTCAACGGA TCATCAACTT	1740
	GAAGCATTTT AAAACCCTTC TTCTCCAAAC ATTGATTAA TTGCGCTCTC TTATCAAAAA	1800
	ACACGTAAT ATCATATGTT TTATAGAACT CGGCAGCTGA CTCTAAACTA GCCATAATCA	1860
50	AATACGAAGG ACTAGATGTT TGAAGTAGC TTAGATATTC TATAATAGTT TCTCTATAAG	1920
	GTGCATTTTT ATGAATATAA AGTACCGAGC CCATCGTTAA AGCTGGTAAC GTTTTATGAA	1980

55

EP 0 786 519 A2

	CAAAGTGGCG GCCGTGTGCT TCGTCAATGA GTACAGGAAT ATTTAATTGG TGCAAAGATT	2100
	TGATAACCTC TTCTACATTA AATGTTTCAC CGTAATAGTT AGGATAAGTC AACACAGCAA	2160
5	GTTTGTGACC GTCATTATTC AAACGGCTTA AATTAACTTT ATTATAATGA TTCGTTAACG	2220
	GACTTTGATG CGTTTCAATA AAATGCCCTT CTTGTTGGCT AATATCGAGC GCATGTAACA	2280
	CAGATTTATG TACATTTCTT GCCATTAAGA TATCGCCTTT TTTCTGTGAA AAAGACTGGA	2340
10	TGACAGATAA TATTCCTGAA GTGGTGCCAT TCACTAAGAA ATAAGCATCA TAATCTGAAT	2400
	GTTTCTCCAC CTGCTTCATA CTTTCCAAAA TGACTTCTTC AGGATGATGT AAATCAnCTn	2460
15	AATCCAGGTA TTTCAGTTTT ATCCATTGTC ATTGATAATT GAGATAAATG ACCGATAGTC	2520
	ATATTTTTAT GACCCGGAAC ATGCAAAGAA ATCGCTTCTT CTTGATTAA ACTTTCTAAT	2580
	TTATTTAAAA TAGGTTGCTT CATGATATAC GCTTCCTTTA TTTACTGT TTTGGAATTA	2640
20	GTTACTTTCA AAAGTATTAA TTATATAGTA ACACCTCTTT GACAAAAGTT AGTGTTACTT	2700
	ATGCAATAGC TTGTCTATTG TATAATAATT AATTTCTTTT TTGTACTTCG ATTTAAAAGA	2760
	TATTAGACAT AAAATCTAAA AACAGCAGTA AGATGATTTA TGATTAAAAA CTATCTTACT	2820
25	GCTGTTCACT TTTTATAATA CTTCTGAATG TCTTCACTTA TACTTCTAGT CACAGATTTA	2880
	AATAATCAAA AGTGACATT ATTAATAATAT CAATTTACA CTCAATGCGG CTCATCGCAT	2940
	TCATTTCTTG TCTAGCAACG TTCTACTCTA GCGGAACGTA AGTTAGCTAC CATCCTCGCT	3000
30	AAGAACCTTT CTGACTTGT GACAATCGCT TGCTTCTTTC CTCTCCTTCG GCTCTCGCTT	3060
	ACTCATTTAG CTCTACTAAA CTCGTTGCGC TCCTTCTTCG TTTGTCAGA TTCAAACGTT	3120
	TTCATTTCGC CAAGCCATT TTTCTTGTGT TTACTTTTTA TTTTGACGTT TTAGACATAA	3180
35	AAAAAGAGAC CTCACGGTCT CAACTGCTT GCGAACGTT TACTCTAGCG GAACGTAAGT	3240
	TGGCTACCAT CGTCGCTAAA GACCTTTCTT GACTTGTGAC AATCGCTTGC TTCTTTCCTC	3300
40	TCCTTCGGCT CTCGCTTACT CATTTAGCTC TACTAAACTC GTTGGCTCT TTTCTCGTTT	3360
	CGTCAGATT AAACGTTTTT ACTTCGCCAA GCCATTTTTC TTTGTGTTTA CTTTTATTTT	3420
	TGACGTTTTA GrCATAAAAA AAAGAGACcT TGCGGTCTCA ATGCGGCTCA TCGCATCCAT	3480
45	TTTTTGCCTG GCAACGTTCT ACTCTAGCGG AACGTAAGTT GGCTACCATC GwCGCTAAgA	3540
	aCCTTTCTTG ACTTGTGACA ATCGCTTGCT TCTTTCCTCT YCTTCGGCTC TCGCTTACTC	3600
	ATTAGCTCT ACTAAACTCG TTGCGCTCTT TTCTCGTTTC GTCAGATTCA AACGTTTTCA	3660
50	CTTCGCCAAG CCATTTTCTT TTGTGTTTGC TTTTATTTT GACGTTTTAG ACATAAAAAA	3720
	AAGAGACCTT GCGGTCTCAA TGCGGCTCAT CGCATCCATT TTTTGCTTGG CAACGTTCTA	3780

55

CATGGGAACA GGTGTGACCT CCTTGCTATA GTCACCAGAC ATATGAATGT AATTTATACA 3900
 TTCAAAACTA GATAGTAAGT gAAAAGTGA TTTTGCTTCG CAAAACATTT ATTTTGGATT 3960
 5 AAGTCTTCGA TCGATTAGTG ATTCGTGCAG CTCCACATGT GCACCATGCT TGCCACCTCG 4020
 GAACCTATT 4029

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 302:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 7159 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 302:

20 GATGCAATAG TTGAGTAGTT ATAAGTAGCT ACATACAACC GCTCAAATAT AGGTTCAAGA 60
 ACATTTTTTAA TGAAGAAAGC GATTTTCCCG CAGAGTGCAA ACGCTTGACT CAATAACGAA 120
 ATGTCACCTA TGTATGGCGT GACTTATTAT ACAGGAGGTG CAAAGTATGT TTGCTATTAT 180
 25 TGAAACAGGT GGAAAACAAA TCAAAGTAGA AGAAGGTCAA GAAATCTTCG TGAAAAAATT 240
 AGACGTAAAC GAAGGAGATA CTTTACATT TGATAAAGTA TTATTTGTAG GTGGAGATTC 300
 AGTTAAAGTT GGAGCGCCAA CAGTTGAAGG TGCAACAGTT ACTGCTACTG TTAATAAACA 360
 30 AGGTGCGCGT AAAAAAATCA CTGTATTCAC ATACAAACGT CGTAAAAATT CAAAACGTAA 420
 AAAAGGCCAT CGTCAACCAT AACTAAATT AACAATCGAT AAAATCAACG CGTAATTATT 480
 ATGATTACTG TTGATATTAC AGTTAATGAT GAAGGCAAAG TAACAGACGT TATTATGGAT 540
 35 GGCCATGCTG ACCATGGTGA ATATGGTCAT GATATCGTTT GTGCTGGAGC TTCAGCTGTA 600
 TTGTTTGTA GTGTTAATGC GATTATAGGA TTGACATCTG AGAGACCAGA TATCAATTAT 660
 GACGACAATG GTGGTCATTT TCATATAAGA AGCGTTGATA CAAACAACGA TGAAGCGCAA 720
 40 CTAATTCCTC AAACAATGCT TGTGTCTTTA CAACTATTG AAGAAGAATA TAATGAGAAT 780
 ATTAGATTAA ATTATAAGTG AGGTGCATTC CGATGTTAAA ATTAACTTA CAATTCCTCG 840
 45 CATCTAAAAA AGGGGTAAAGT TCTACAAAAA ACGGACGTGA CTCTGAATCA AAACGCTTAG 900
 GTGCTAAACG TGCTGACGGT CAATTCGTAA CAGGTGGTTC AATTTTATAT CGCCAACGTG 960
 GTACTAAAAT TTACCCTGGT GAAAATGTAG GTCGTGGTGG CGATGATACA TTATTCGCTA 1020
 50 AAATCGACGG CGTTGTTAAA TTCGAACGTA AAGGTGCGGA CAAAAACAA GTTTCTGTAT 1080
 ATGCAGTAGC TGAATAATTT TGTCTAGTTA ACACCAGAAG TGAATCTTCT GGTGTTCTTT 1140

	AGACGTTATA CTAAATGTGC ACTGTATAAG AGCCCCCTAAT CACTAAACTA TAAGGGGGAC	1260
	AAAGGAATAC AGTTGCAGCG TTAAAGAAT AAAGTGTACC ACAATTGGTG CTGAGAAATA	1320
5	TAAGTATTTT AAAGCAAAGA TTTATAAAAG TAACTGCATA AGAGCCCCTA ATTATTTACA	1380
	ATATATAAGG GGCTCTAATA TGCTATAATT ATTGGGAAAA TGAAAATTAT ATGTAAAAGA	1440
10	GGTGAGATAT ATGTTTGTCTG ATCAAGTCAA AATATCTCTT AAAGCCGGTG ATGGTGGTAA	1500
	TGGTATTACC GCATACAGAA GAGAAAAATA TGTACCATTI GGTGGACCAG CTGGCGGTGA	1560
	CGGTGGTAAA GGTGCTTCAG TCGTATTTGA AGTGGATGAA GGTTTAAGAA CGTTATTAGA	1620
15	TTTTAGATAT CAACGTCATT TTAAAGCAAG CAAAGGTGAA AATGGCCAAA GTAGTAATAT	1680
	GCATGGTAAA AATGCGGAAG ATTTAGTATT AAAAGTTCCA CCTGGTACAA TTATTAAAAA	1740
	TGTTGAAACA GACGAAGTGT TAGCAGATCT TGTGAAGAT GGTCAAAGAG CTGTAGTAGC	1800
20	GAAGGGCGGT CGAGGTGGCC GAGGTAATTC ACGTTTTGCA ACACCTAGAA ACCCTGCACC	1860
	TGACTTCAGT GAAAAAGGTG AACCAGGTGA GGAATTAGAT GTATCTTTAG AATTGAAATT	1920
	ATTAGCTGAT GTAGGATTAG TAGGTTTCCC TAGTGTGGGT AAATCGACTT TATTATCTAT	1980
25	CGTTTCAAAA GCTAAGCCTA AAATTGGGGC ATATCATTTT ACAACGATTA AACCAAATCT	2040
	AGGTGTTGTT TCAACGCCTG ATCAACGTAG TTTTGTATG GCAGATTTAC CAGGTTTAAT	2100
	TGAAGGTGCA TCTGATGGCG TTGGATTAGG ACATCAATTT TTAAGACATG TAGAGAGAAC	2160
30	AAAAGTTATT GTTCACATGA TTGATATGAG CGGTTCTGAA GGTAGAGAAC CTATTGAAGA	2220
	TTATAAAGTC ATTAATCAAG AATTAGCTGC GTACGAGCAA CGTTTAGAAG ATAGACCTCA	2280
35	AATCGTAGTA GCTAACAAGA TGGATTTACC TGAATCACAA GATAATTTAA ACTTGTTTAA	2340
	AGAAGAAATT GGCGAAGATG TGCCAGTTAT TCCAGTTTCA ACAATAACGC GTGATAATAT	2400
	TGATCAATTA TTATATGCAA TAGCAGATAA ATTAGAAGAA TATAAAGATG TTGACTTCAC	2460
40	AGTTGAAGAA GAGGAGTCAG TTGGCATTAA CCGAGTATTA TATAAACATA CACCGTCACA	2520
	AGATAAATTT ACAATTTCAA GAGATGATGA TGGTGCTTAT GTGGTAAGTG GTAATGCTAT	2580
	TGAAAGAATG TTTAAATGA CTGACTTTAA CAGTGATCCA GCAGTACGTC GATTGCTCG	2640
45	TCAAATGCGT TCGATGGGTA TTGATGATGC GCTTAGAGAA CGTGGTTGTA AAAATGGTGA	2700
	TATCGTTAGA ATTCTTGGCG GAGAATTTGA ATTCGTTGAA TAGGAGCGAA ACATGATGGA	2760
	CAATAAAGAT TATAAAAAGT TTTATTTAAT TAGAGAAGAT GTCTTGCCTG AATCCGTGGT	2820
50	TAAACATTG AAGATTAAAG ATGCCTTAAA AAGTGATCCG ACATTGTCCA TTTATGATGC	2880
	CGTTAAACAG TTTGATCTAT CTAGAAGTGC TTTTATAAAA TATAGAGAAA CGATATTTCC	2940

55

	TGTTGGTATG TTGGCACGTG TACTAGATGT TATATCAAAG TTAGAACTAT CTGTATTAAC	3060
	GATTCATCAA AGTATTCCAA TGGAAGAAAA AGCAACAATA ACATTATCAC TGAATGCTAA	3120
5	ATCTAAAGAA ACTTCAGTAG AAGATGTTAT TGGCGCTTTG AGAAATTTAG ATTATGTATC	3180
	AAAAGTAGAA TTAATTAGTA TGAGTATGTA AGGATGTGCC TATAATGTAC GCGTATGTCA	3240
	AAGGTAAGTT AACACATTTA TATCCTACAC ACGTAGTTGT TGAAACTGCT GGTGTTGGTT	3300
10	ATGAAATTCA AACACCAAAT TCTTATCGTT TTCAAAGCA TCTAGATCAT GAAGTTTTAA	3360
	TTCATACATC TTTAATTGTT CGTGAAGATG CACAATTATT GTATGGATTT AGTAGTGAAG	3420
	AAGAGAAAGA TATGTTCTTG AGTTTAATTA AAGTTACTGG TATTGGTCCG AAATCAGCTT	3480
15	TAGCTATTTT AGCGACAAGT ACGCCTAATG AAGTAAAACG TGCCATTGAA AATGAAAATG	3540
	ATACGTATTT AACTAAATTC CCAGGAATTG GTAAGAAAAC GGCAAGACAG ATTGTCTTAG	3600
20	ATTTAAAAGG TAAAGTGAAA ATTACTGAAG AAGATAGCGA TTCATTATTA CAAGTAGACG	3660
	CTACTTCGAC GGTGCAAGAT CAATTCGTGC AAGAAGCAAT GTTAGCGTTA GAAGCATTAG	3720
	GTTATTCTAA ACGAGAGCTT GCAAAAGTTG AGAAAACGTT AAATAAAAAT AAATATGACT	3780
25	CAGTTGATGA AGCTGTTAAG GCAGGTCTTC AATTAGTTGT ATCTTAATTT TAAATAGATT	3840
	AATAGGGGAA GTGTTGTCAT GAATGAGCGT ATGGTTGATC AATCAATGCA TAGTGAAGAA	3900
	ACTGATTTG AATTGTCGCT TAGACCTACG AGATTACGAC AATATATTGG TCAAAATTCA	3960
30	ATAAAAAGTA ATTTAGAAGT ATTTATTAAA GCGGCTAAAC TTCGTCATGA ACCATTAGAT	4020
	CATGTATTGC TTTTGGCCC CCCTGGATTA GGTAAGACAA CATTATCTAA TATCATTGCC	4080
	AATGAAATGG AAGTTAATAT ACGTACAGTA TCAGGGCCTT CATTAGAAAG ACCTGGTGAT	4140
35	TTGGCTGCAA TTTTATCAGG ACTTCAACCT GGAGATGTTT TGTTTATTGA TGAAATACAC	4200
	AGACTGAGTA GTGTTGTTGA AGAAGTGTTA TACCCTGCAA TGGAAGATTT CTTTTAGAT	4260
40	ATTATCATTG GTAAAGGCGA TGAGGCTAGA AGTATCCGTA TCGACTTACC TCCATTCACT	4320
	TTGGTAGGTG CAACAACGCG AGCTGGCAGC TTAACAGGTC CACTAAGGGA TCGATTTGGT	4380
	GTGCACTTAA GATTAGAATA TTATAACGAA TCAGATTTAA AAGAAATCAT TATTAGAACA	4440
45	GCTGAGGTTT TAGGCACAGG TATTGATGAA GAAAGTGCCA TTGAACTTGC TAAACGTTCT	4500
	AGAGGGACTC CAAGAGTAGC AAATCGACTA TTGAAGCGGG TAAGAGACTT CCAGCAAGTG	4560
	AATGAAGATG AACAAATATA CATTGAAACA ACGAAGCAGC CATTAGGTTT ACTTCAAGTT	4620
50	GATCAACACG GACTAGATTA CATTGATCAT AAAATGATGA ACTGTATTAT TAAGCAGTAT	4680
	AATGGCGGAC CTGTTGGTTT AGATACGATT GCCGTAACAA TTGGTGAAGA ACGTATTACA	4740

55

	GGCAGAAAAG CAACACCATT AGCTTATGAA CATTTTGCAA AGTCGAATGA GGAGAGAGAA	4860
	TAACGTGAAT ATTGAAGAAT TTGACTATGA CTTACCAGAA TCATTAATTG CTCAAACGCC	4920
5	TTTAAAGAT CGTGATCATA GTCGTTTATT AGTCATGGAT AGAGAAACTG GTGAAATGAA	4980
	ACATTTACAT TTCAAAGATA TCATTGAGTA TTTTAGACCT GGTGATACAT TAGTGCTTAA	5040
10	CGATACGCGA GTAATGCCAG CTAGACTTTT TGGTTTAAAA GAAGAAACTG GTGCAAAAGT	5100
	TGAAATGTTA ATGTTAACTC AAATTGAAGG TAATGATTGG GAAGTCTTAC TGAAACCAGC	5160
	TAAGCGTATT AAAGTTGGTA ATAAATTGAA TTTTGGTAAT GGCAAAATTA TAGCTGAATG	5220
15	CATAAAAGAA ATGGATCAAG GTGGACGCAT CATGCGTTTA CATTATGAAG GTATTTTACA	5280
	AGAAAGATTA GATGAATTAG GGGAAATGCC ACTGCCACCA TACATCAAAG AACGTTTAGA	5340
	TGATCCAGAT CGTTATCAAA CAGTTTACGC TAAAGAAAGT GGTTCAGCGG CAGCACCAAC	5400
20	AGCAGGATTA CATTTTACTG ATGAGTTATT AATTGAAATT AAAAATAAAG GTGTTAATAT	5460
	CGCATTTGTT ACATTACATG TTGGGTTAGG TACGTTTAGA CCGGTGAGCG TAGACGATGT	5520
	GAATGACCAC GAAATGCATA GTGAATATTA TCAAATGACm CAAGAAACAG CTGATTTATT	5580
25	AAATGATACT AAGcCAAAGG ACATCGCATT ATATCAGTTG GTACAACTTC AACACGTACA	5640
	CTTGAAACAA TTCGACGCGA TCATGATAAA TTTGTTGAAA CGAGTGGCTG GACTAATATA	5700
	TTTATTTATC CAGGATTTGA TTTTAAAGCA ATTGATGGCC AGATTACTAA TTTTCATTTA	5760
30	CCAAATCAA CATTAGTTAT GCTAGTATCA GCGTTTAGTA GTCGTGAAAA TGTCTGAAT	5820
	GCTTATAAAA CGGCAGTAAA TTTAGAATAT AGATTCTTTA GTTTTGGCGA TGCAATGTTA	5880
35	ATTATATAAA AAGAATGTGA GGATTTTGAA TATGCCTGCA GTAACATACG AACACATTAA	5940
	AACTTGTAAG CAATCAGGTG CGCGTTTAGG TATCGTGCAC ACACCACACG GTTCATTGTA	6000
	AACACCTATG TTTATGCCAG TTGGTACTAA AGCAACCGTT AAAACAATGA GTCCAGAAGA	6060
40	GTTAAGACAA ATTGAAGCAA AAATCATTTT GGGCAACACA TATCATTTGT GGTTACAACC	6120
	CGGAAATGAT ATTATCAAAC ACGCTGGGGG ATTACATAAA TTCATGAATT GGGATGGTCC	6180
	GATTCTTACA GATTCAGGCG GTTTCCAAGT GTTTAGTTTA AGTAATTTAC GTAAAATTAC	6240
45	AGAAGAAGGC GTGGAATTTA GACATCATAC TAATGGGTCT AAATTATTTT TGAGTCTCTGA	6300
	GAAATCAATG CAAATTCAAA ATGATTTAGG ATCTGATATT ATGATGGCAT TTGATGAATG	6360
	TCCACCGATG CCTGCTGAAT ATGATTATGT AAAAAATCT ATTGAACGTA CAACACGTTG	6420
50	GGCGAAAAGA TGTCTAGATG CACACCAAAG ACCTGAAGAT CAAGCATTGT TCGGCATTAT	6480
	ACAAGGTGGC GAATATGAAG ATTTAAGAGA ACAAAGTGCA AAGGATTTAG TAGAATTAGA	6540

55

AATGGTTGAA CATACAGAGC AGTTTATGCC TAAAGATAAA CCAAGATATT TAATGGGTGT 6660
 AGGATCTCCa GATGCGTTAA TCGAATGTAG TATTCGCGGC ATGGATATGT TTGATTGTGT 6720
 5 CTTACCGACA CGTATTGCCA GAAATGGTAC TTGTATGACA TCGCAAGGTC GTTTAGTTAT 6780
 TAAAAATGCA AAATTTGCAG ATGATTAAAG ACCGTTAGAT GAGAATTGTG ACTGTTATAC 6840
 ATGTCAAAAC TATTCAAGAG CGTATATACG TCATTTAATC AAGGCAGAGG AAACTTTTGG 6900
 10 TATTCGTCTT ACTACTATT CATAATTACA TTTTCTGCTA AAATTAATGG AAGATATAAG 6960
 ACAAGCCATT CGAGAAGATC GTCTTTTAGA TTTCAAAGAA GAATTCCTCG AGCAATATGG 7020
 15 ATTAAATGTT GAGAACCCAA AAACTTTTGA AGCAAGAGGA GCGTATAAAA TGCAATTTTC 7080
 ATTACTAATA TATATAGTCG TAATTTTTGC GGTATGTAT TTCTTGATGA TCAGACCACA 7140
 ACAAAAACTG TGCGAAACA 7159

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 303:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3159 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 303:

30 TCCATTTATA GAAATTTCTA AAGCAGAAA TAAGATAGAA GATATCGGCC AAGGTGCAGA 60
 AATCATCAAA AGAACACAAG ACATTACTAG CAAACGATTA GCTATAACTC AAAACATTCA 120
 35 ATTTGATTTT GTAAAAGATA AAAAATATAA CAAAGATGCC CTAGTTGTGA AGATGCAAGG 180
 CTTCAATTAGC TCTAGAACAA CATATTCAGA CTTAAAAAAA TATCCATATA TTAAGAAGAT 240
 GATATGGCCA TTTCAATATA ATATCAGTTT GAACAGAAA GACTCTAATG TTGATTTAAT 300
 40 TAATTATCTT CCTAAAAATA TAATTGATTC AGCAGATGTT AGTCAGAAAT TAGGCTATAA 360
 TATCGGCGGA AACTTCCAAT CAGCGCCATC AATCGGAGGC AGTGGCTCAT TCAACTACTC 420
 TAAAACAATT AGTTATAATC AAAAAACTA TGTTACTGAA GTAGAAAGTC AGAACTCTAA 480
 45 AGGTGTTAAA TGGGGAGTGA AAGCAAATTC ATTCGTTACA CCGAATGGTC AAGTATCTGC 540
 ATATGATCAA TACTTATTTG CACAAGACCC AACTGGTCCA GCAGCACGAG ACTATTTTCGT 600
 50 CCCAGATAAT CAACTACCTC CTTTAATTCA AAGTGGCTTT AATCCATCAT TTATTACAAC 660
 ATTGTCACAC GAAAGAGGTA AAGGTGATAA AAGCGAGTTT GAAATCACTT ACGGCAGAAA 720
 CATGGATGCT ACATATGCTT ACGTGACAAG ACATCGTTTA GCCGTTGATA GAAAACATGA 780

	AAAAATTAAA AGCATCACAC CTAAGTAAAC AGTTCaATCA TCTTAAAAAA TCCTGGGACA	900
	CTTCATACTT GTCTCAGGAT TTTTTmACAA ATTGAATCAG CCTCATAACA TTAAATTATT	960
5	TTATCGTACA TTAAATTTAA TAATAACAAC TGATTTTTAT AAGAATAAAG TATCGAmCCA	1020
	TAGTAGATAC ACAAATAATA CAAATGAAAC AATTTAACTT GAAAGCTTaa ATAAATATTA	1080
	TCAAGTTAAT AAACAATTAA TTTTITAGATG GATTTCATCA AAATCGTAAA AAAGCACAAT	1140
10	TTGTATTFTA CAAACATTAA TTAAAAAGA AAGCAAGACA TTCGTGCAAT CGGTTACCTT	1200
	AAATTGTTTA CAACTGTCAA CAATACCAAG GTTTTATTAA CTATATTTCT CACAAAATTA	1260
	GCTTTTAGCA TTCCAAACAA AAAAGGTTAA ATCGAACGGA ATTATGGCAT TTTTAACTTA	1320
15	ATTGTAAAAA AAGTTGATAA TGGTCAATTG TTAATGAACA GTTAATTATA ATAACGCCCA	1380
	AAATATATTA TTATTTAATT AAGTTAAATA AAATTATAGA AAGAAAGTGA AACTTATGCT	1440
20	TAAAAATAAA ATATTAAC TAACCTTTATC TGTGAGCTTA CTTGCCCTC TGCCAATCC	1500
	GTTATTAGAA AATGcTAAAG CTGCTAACGA TACTGAAGAC ATCGGTAAAG GAAGCGATAT	1560
	AGAAATTATC AAAAGGACAG AAGATAAAAC AAGTAATAAA TGGGGCGTGA CTCAAATAT	1620
25	TCAATTGAT TTTGTAAAGG ATAAAAATA TAACAAAGAT GCTTTGATAT TAAAGATGCA	1680
	AGGATTCATT AGCTCTAGAA CAACATATTA CAACTATAAA AAAACTAATC ATGTTAAAGC	1740
	TATGCGATGG CCAITCCAAT aTaATATTGG TTTAAAAACA AATGATAAAT ATGTTTCTTT	1800
30	AATTAATTAT TTACCTAAAA ATAAATTTGA ATCTACAAAC GTGAGTCAGA CATTAGGATA	1860
	CAATATCGGT GGTAATTTCC AATCAGCCCC ATCACTCGGT GGTAATGGAT CATTTAAC TA	1920
35	TTCTAAATCG ATTAGCTATA CACAACAAAA TTATGTAAGT GAAGTAGAAC AACAAAAC TC	1980
	AAAAAGTGTT TTATGGGGCG TCAAAGCGAA TTCATTGCGC ACTGAATCAG GTCAAAAATC	2040
	AGCCTTTGAT AGCGATTAT TTGTAGGCTA CAAACCTCAT AGTAAAGATC CTAGAGATTA	2100
40	TTTCGTTCCA GACAGTGAGT TACCACCTCT TGTACAAAGT GGATTTAACC CTTCATTAT	2160
	CGCCACAGTA TCTCATGAAA AAGGTTCAAG CGATACAAGC GAATTTGAAA TTACTTACGG	2220
	AAGAAACATG GATGTCAC TC ATGCCATTAA AAGATCAACG CATTATGGCA ACAGTTATTT	2280
45	AGACGGACAT AGAGTCCATA ATGCATTTGT AAATAGAAAC TATACTGTGA AATACGAGGT	2340
	CAATTGGAAG ACTCATGAAA TCAAGGTGAA AGGACAGAAT TGATATGAAA ATGAATAAAT	2400
	TAGTCAAATC ATCCGTTGCT ACATCTATGG CATTATTATT ACTTTCTGGT ACTGCTAATG	2460
50	CTGAAGGTAA AATAACACCA GTCAGCGTAA AAAAAGTCGA TGACAAAGTT ACTTTATACA	2520
	AAACAACAGC CACAGCAGAT TCTGATAAAT TTAAAATTC ACAGATTTTA ACATTTAATT	2580

55

ACTCAGGCTT TGTGnAACCT AATCCTAATG ACTATGACTT TTCAAAATTA TATTGGGGGAG 2700
 CTAATACAA TGTATCTATA AGTCACAAT CTAATGATTG AGTAAACGTC GTTGATTATG 2760
 5 CACCAAAAAA TCAAAATGAA GAGTTTCAAG TTCAAAATAC TTTAGGCTAT ACATTTGGTG 2820
 GTGACATTAG TATCTCTAAT GGTTTATCTG GTGGACTTAA TGGAAATACA GCTTTTTCTG 2880
 AAACAATTAA TTATAACAA GAAAGTTACA GAACAACATT AAGTCGCAAC ACAAATTATA 2940
 10 AAAATGTTGG CTGGGGAGTT GAAGCACATA AAATTATGAA TAATGGTTGG GGACCTTATG 3000
 GAAGAGATAG CTTCCACCCA ACATATGGTA ATGAACTCTT CTTAGCTGGC AGACAAAGCA 3060
 15 GTGCATACGC TGGCCAAAAC TTCATAGCGC AACACCAAAT GCCATTATTA TCTAGAAGTA 3120
 ACTTCAATCC AGAATTTTTA AGCGTACTAT CACACAGAC. 3159

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 304:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 3821 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 304:

GCAAAAACCT TTCTCCAACAT ATGTCAGACT ATAATGGCAT GAACAAAATT GATATGATGA 60
 30 ATCAAATTAA AGTTGATACG ATGTTGCATG GTTATCACGC TGGATTTTAA TTTGCATTAT 120
 TGATTACAGT TGTTAGTTTC TTTGTTTCAT TTATGTTACA AGGTAAGAAA AAAGAAGTTG 180
 35 ATTCTCGTCA ATAAATATAA GTTGCTAGCT ATATAAGCT TTTTAGCAAA AGTTCAACAT 240
 ATTGACTTAT CCGGCATTTT AGATTAAAT ATTTTTATTC CGATTAGAAT AATAAGAATA 300
 AGGAGATATA TTCTATGAAA AGACTTTTAT TTGTGATGAT AGCTTTCGTT TTCATATTGG 360
 40 CTGCATGCCG AAACAATTTC TCGAAAGACA AGGAAGCTAG TAAAGATAGC AAGACAATTA 420
 ATGTTGGGAC TGAGGGGACT TATGCACCAT TTAGTTTCCA CGATAAAGAT GGTAAATTAA 480
 CTGGTTACGA TATTGATGTT ATTAAAGCAG TGGCTAAAGA AGAAGGTTTA AAACTTAAAT 540
 45 TTAATGAAAC TTCTTGGGAT TCTATGTTTG CAGGTTTAGA CGCAGGGCGT TTTGATGTAA 600
 TCGCGAACCA AGTAGGTATT AATCCTGATA GAGAAAAGAA ATATAAATTT TCTAAGCCTT 660
 50 ACACATTCTC AAGTGCTGTT TTAGTTATTC GTGAAAATGA AAAAGATATT AAAGATTTTG 720
 ATGATGTAA AGGTAAGAAG TTAGCACAAA CATTACATC TAATTATGGT AAATTAGCTA 780
 AGGATAAAGG TGCTGATATT ACAAAGTTG ATGGCTTTAA CCAATCAATG GATTTATTAT 840

	AAAAACCTAA TGcTAAGATC AAAGCAATCA AAGGTAATGC TGAACAAAGT AGATCTGCAT	960
	TTGCATTTTC TAAAAAAGCA GATGATGAAA CAGTTCAAAA ATTCAATGAT GGCTTGAAAA	1020
5	AAATCGAGGA AAACGGTGAA TTAGCTAAAA TAGGTAAGAA ATGGTTTGGT CAAGATGTTT	1080
	CTAAATCTAA ATAGCGAACA ACAACATGCG CTAGATGCTG CAAAACAAGC TTTCGGACCT	1140
	ATGCTAGAAG GTTTGGTCAA ATATTCAATT CCTATTACAT TAGTTACATT TGTTTTAGGA	1200
10	TTGATTATTG CATTATTTAC AGCATTAAAT CGAATTTCAA CGAGTAAAAT TTTAAGAAGT	1260
	ATTTACAGTG TCTATGTATC TATTATTCGA GGAACACCAA TGATAGTACA ACTATTTATC	1320
15	ATATTTTTATG GTATTCCAGA ATTAGGTAGA TTATTAACAA ATGACGCTGA CAACCAATGG	1380
	ACATTGGCAC CTGTAGTGGC TGCTATTATT GGTTTATCAT TAAATGTAGG TCGGTATGCT	1440
	TCGGAAATTA TTCGTGGCGG TATTATTTCT ATACCGAAAG GACAAACAGA AGCTGCaTAT	1500
20	TcCaTCGGTA TGACGTATGG TCAAACGATA CAACGTATCA TTTTACCGCA GGCAATTCGA	1560
	GTGTCGATTC CTGCACTAGG TAATACATTT TTAAGTTTAA TCAAAGATAC ATCATTATTA	1620
	GGATTTATTT TAGTGGCTGA AATGTTTAGA AAAGCTCAAG AAGTTGCGTC TACAACATAT	1680
25	GAATATTTAA CAATTTATGT GTTAGTTGCG CTAATGTACT GGGTGGTATG CTTTATTATT	1740
	TCAATTATCC AAGGTATCTA TGAATCTTAT ATTGAAAGAG GGTATCGCTC ATGATTCAAT	1800
30	TGAACAATAT CCATAATCA TTTAATGATG TTGAAGTCAT CAAAGGTATT GATTTATCTG	1860
	TTGAACAAGG TGAGGTTGTA ACCTTAATCG GTCGATCTGG TTCAGGTAAA ACAACATTGT	1920
	TACGTATGAT TAATGCATTA GAAATTCCAA CTGAAGGTAC AGTTTATGTT AACGGCAAAA	1980
35	CATATACATC TAAAGATAAA AAATCACAAA TAGAAGTTCTG TAAACAGTCT GGTATGGTAT	2040
	TTCAAAGTTA TAACCTTTTT CCGCATAAGA CGGCATTAGA AAATGTAATG GAAGGCTTA	2100
	TCAcAGTTAA AAAGTTGAAA AAGGATGAGG CACGTGGGAA ATCACTTGAG TTA CTGAGA	2160
40	AAGTTGGTTT AACACATGTC AAAGATCAAC GTCCACATGC ATTATCAGGT GGTCAACAAC	2220
	AACGTGTTGC TATTGTCAAG AGCACTAGCA ATGAACCCTA AAGTGATGTT GTTTGATGAA	2280
	CCAACATCTG CACTTGATCC TGAAC TTGTG AATGATGTTT TAAAGGTTAT TAAAGATTTG	2340
45	GCTAATGAAG GCATGACAAT GGTCATTGTG ACACATGAAA TGC GTTTTGC TAAAGAAGTA	2400
	TCTAATAACA TTGTATTTAT TcmTGAAGGC ATGATCGGAG AACAAGGGGC TCCAGAAGAG	2460
50	ATGTTCAATC GTCCGAAAAC AGAAGAATTA AGACGTTTCT TAAATGTTAT AAATGAAGAA	2520
	TAATCAAATA GAACCACGTA TCATGTTTTA GTATGGCGAT GAAGCCATAT ACATGATGCG	2580
55	TGGTTCTTTG TTATGTTGTC ATAATCTTGG AGCGATATTT TAACGACGTT TATGATTTAA	2640

TTCTACATGT GCGTTAAAC CTTTTTGAA TTGTTGGACG CCATAGTCTT CTGATGACTC 2760
 TGAAAAGTCA CCGTAATAC CATAAAATT ATAGCGATCA ATATGATGCG CTTTAGCAAA 2820
 5 CTTAATCATT TCCCactGCA AATGGTAGGC ACCCATATAA GCATTATATT TAGGGTTTGA 2880
 ACCACTAGAT AAGTAATAAA CTTCATGCTC ATTGTAGATA AATAAAGCAG AAGCTAAGTT 2940
 10 TAAGACTGCA CCATCTTGTT CAATTTGTTT TATTGTATTG TCGATTTTAC GCTTATTGCT 3000
 ATTTAGCTGT TGTTCTAGCT GTGTGCGTTT CGTTTTATTT TTCTTTGAAT TAGGACTTTC 3060
 TTCCAATGCT TCTTCAACAC CTGAGAGTTC AGCTGTTAAT TGTGTGTGCT TTAATTGTAA 3120
 15 CGTTTTTAA TACTCGTTTA AATCAATATA CGCCAACTTT AACATGGCGT GGTCAATCGTA 3180
 TAACTTTTGC ATTTCTTCAA AGTATGGTAA CTCACGGAAT TTGAAACCGT GCTTTTCCTC 3240
 AGCCATATGG AATAAGTCGA AAAAAGTTTG CGTTTCATCA ATCGTTAAcG TTTTaGTTTT 3300
 20 GACACCAAta TCaTATGTtT tTtTAATATT ACGTCTCGtT TGATAATCCA TTTCTTTTAA 3360
 AAGTTGGTCT TCAGTCTTAT CTTTTAAATC TAACACTGAC AGCCAACGGA TTTGGCTCAT 3420
 TGAATCATAA CCTACAGGGA AACCTTGGTG TTTATAACCT AATTTATCCA TTGTTCTaAC 3480
 25 AAATGCTCGG TTATCATAAG ATTTAACAAT TTCACCGTCT GCATTGCGTA AATTTTCAAT 3540
 TAAATATGGA TCTACAAGGA CATATAAACA ATTGTGTTTC TTTAAATATG ACGTTAATGC 3600
 TTTAAAGAAA AATGCTACTA ATGATTGATT TGTATAATCC ATCACTGGCC CGCGATGTGT 3660
 30 ATAAAAATAT TTGAAAAATT TAAGTGTGCG TGCTTCTGTC AATAAGCATC CTGCAATCAC 3720
 TTGACCATTG TCATCTTTAA CCCCTACrAG ATGCACATCG CTTTTTAAAT CAACTCTATG 3780
 35 ATTGTAATGA ATAGCTGATT GTGTGTAATG TGAAAAATGC T 3821

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 305:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1422 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 305:

GCGACACCAT TGTTTGCAGC AACTGTTAAT TTACCAGTTG ATGGTTTCGA CGGTGTTGTT 60
 50 GGTTTTGATG GTGTAGTAGG GGTAGTTGTA GATTGCGTAC CCCATGGCGC CACTTTACCC 120
 ATTTTATTATTA AATATTTTTC ATTAATTAAG TCATATAATT GATCATAACT ATAATTATGA 180
 CTTCTTAAAT ATCCATGTGG ATcGGCATGG TCAGTACCAC CTAAATATTT ACTTACAGCG 240

TATTGTAATT GTGTAGCTGC ATAGTCAGCA TAGTTATTCA TTGAACGTGC AAATGAAGCA 360
 TAGTCGTGTG TGTGTACGAT TTCAACATTG ATGAATCTAG GGTACCGAC TGCACCGACA 420
 5 CCCCAGATA AGTAATCCGT TGGTCTGTT TCGATTATAC GATCCCCATC AACAAATGCA 480
 TGTACGAATG CGTTTTGATA GTTATTTTTTC ATATAACTAA TTTCACCATT TATCGTCGAA 540
 CGATCATTAG CTGTATCATG AACTACGATA CCTTCAGGAC GACCTACGCC GTTACGGTAT 600
 10 GCGTATTTAG GGAAGTAAGA TGTATAATCT TCITCAATTT TAGGTGCTTT TAAGTTATTT 660
 TTACAAATGT AATCGTTAAT TGAAGAGTTT ACTTGTGGTT TATATTTTGG CAAACTCGTT 720
 TTTGGTGTG CAGCAACTGA TCTTGGTTGT GCTGAAGCGC TAAAAGTAGT TACTTTAGGT 780
 15 GTCGCTTCAG TTTTAGCTTT AGGTGCTGAT GTAGTTGCAG CTTTAGGTGC TGCGGTTTTA 840
 TATTGCGTYT CAAGAGCTGC AGGTTTAGCA GCTGATTTAA TTAATTCTGG ATTAATTTGA 900
 TTTTCTGAAT TATCATCTTC ATCATCAACT AAACATAAC CAGCATTGT AACATTAGTG 960
 TTAGTTTTAG GTGCTGTAGT GCTTGTGAC TTGCAACAG GCTGCGTATT ATTTGTAGTC 1020
 GCTGATTGAT TAGCAGGAGT GTCACCATT ACTTGTGCAG TATCAACTTT TGACTTACT 1080
 25 TGAGCATTGC CTGTTTTGTT ATTTGCTGTT TTTGGTTGGA CAATAGCAGG GTCTTGATAT 1140
 ACTTGAGTGC CAGAAATGTT TTGCGTTGGA TTTTTACCT CAGCTTTTGC TTGTTAGTA 1200
 GTTGCTTTAA CTTTATTACT ATCTAAAACG TTTTATTAG TAGTTTGATC TTGTGTCGTC 1260
 30 TCAGCTGCTT GAACTTGATG TGCAGTGA CTGGAACCTA CAAGCGTTAA TGCAACCATT 1320
 GAgGTAGTTT GTAATTGAAT TTTTTCGCCA TTCTATTTAT TACTCCyAAC ATTTATTAAT 1380
 TATTACTAAC ATTATAGTAC CTGTnTTATA TACCTGTGCG TA 1422

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 306:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 6076 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 306:

ACGCGTTGGT TATTTCAATC ATAATATTAC TCTGCAATA CACAGCCCTG TAACCGAGTA 60
 AATGGATAGA GATTGAAACA AATGAAAACA ATCAACTAAT GGAAAGGATA AAATATTATG 120
 50 CACAACAATA ATGAATTCAA CAAAAACTG AAAGATTTTA TAGGTAGCGA TAAACGGATG 180
 GCTTTAGTAA AGGGTTATGT TAACGAGTAT AAATTAACAA CTGTTTTAAG AGCTTTAAAT 240

	GTAGATAATC GAATTATTCC TAAAAATATA ACTCAAAACA CAATCTTCAA ATTGAGTAAT	360
	TTAACCTTAG AGGTTAACCT CTATGAAAGA AACACAATTT ATCACGGAGA CTTTGCTATT	420
5	TACTATCCTG TAGAATCTGC TCTAATAATA GAAACAGATA CTCCTAGGCT AATTAATCAT	480
	ATAAATAACA ACCCAGTCCA AAAAATATTT ATAATAACAA CAAATGACTG GAGCTTTAAT	540
10	ACACTTGaAT TAGAAAAAAT AGTAGACGAA ACTATAATTT ATGATTTAAA ACAAGAAGAT	600
	CCTAAACAAT ATGAAATTTT ATATAAAAAT AAACACGGAA AATTGCCTTA TTGATGAATT	660
	AAAACGCAAA CTTAGAACAC CTTACCCCTT TTCCGTCCTT ATTGTAATTT TCCAACACT	720
15	CAAATTAAAA ACCACCCGTG CAAACAGGTG GTTTTATTAT ATATAATTAT TCCCACTCAA	780
	TTGTGCTTGG TGGTTTTGAT GTAATGTCAT AGACTACGCG GTTGACGTGA TCTACTTCGT	840
	TTACGATACG ACTAGAAATC TTTTGTAAGA CTTCCCAATC GATGCGTGCG AAGTCACTTG	900
20	TCATACCGTC GATAGATGTT ACTGCACGAA TACCTACTGT GTGATCATAC GTACGGTAGT	960
	CTCCCATAAC ACCTACTGAT TGAATGTTTG GTAACACTGT GAAGTATTGC CAAATTTCTC	1020
	TTTCAAGACC TTCTTCTCTA ATCACTTGGC GTAAAATCGC GTCTGATTCT CTAACGATTT	1080
25	CTAGTTTATC TTCAGTAATT TCTCCAAGTA CACGAATACC AAGACCAGGT CCTGGGAATG	1140
	GTTGTCTCCA TACTAAATGT TCTGGAATAC CTAACCTCAAT ACCTAATTTA CGTACTTCAT	1200
30	CTTTAAACAA TGTATTGATT GGTTTCGATTA ATTGCAATTC CATGTCTTCT GGTAATCCAC	1260
	CAACATGTG GTGTGATTG ATTGTTTGTG CTGTTTTAGT ACCTGATTCTG ATGACGTCTG	1320
	TATATAGTGT TCCTTGCGCA AGGAAGTCTA CACCTTTCAG TTTTGATGCT TCATCATCAA	1380
35	ATACGTATAC AAATTCATTA CCAATGATTT TACGTTTTTG TTCAGGATCT GAAACACCTT	1440
	TTAATTTATT CATAAAGCGA TCTTTCGCAT TAACACGAAT AATATTCATG TTGAAACCTT	1500
	CACCGAATTG CTCCATAACC ATGTCGCCCT CACCTTTACG AAGtAAGCCA TGGTCTACAA	1560
40	AGATACATGT TAGTTGATCA CCTATTGCTT TATGCAATAG TACAGCTACA ACAGATGAAT	1620
	CTACGCCGCC ACTCATCGCA CATAATACAC GACGGTCTCC TACGCGTTGA CGAATCTTTT	1680
	CAATTTTCGAT TTCGATAAAG TTTTCCATTG TCCATTGACC TCTACAATCA CAAACACGAC	1740
45	GGACAAAATT ATTTAATAAA TCATTACCAT ATTCTGTATG ACGTACTTCT GGATGGAATT	1800
	GAACACCATA AATGCGACGT TTCTTATCTT CGATTGCTGC ATAGTCTGTG CTTGGGCTAT	1860
50	CAGCGATAAC TTCAAAGCCT TCTGGAATTT CAATAACTTT ATCAGAATGA CTCATCCAAA	1920
	CAGTTTGTTC TGCTGGTAAG CCAGCGAATA ACTCATCTGA CTTCGCATTa ATGATTGCTT	1980
55	TACCGTATTc ACGTTCATTG GCACGTTCAA CTTTACCACC TAATAATTTA GTAGTTAATT	2040

	TAAATGAACC TTCTTCATAA ACTGAATTTG GACCACCTGA TAAGATAATA CCTTTTGGAT	2160
	TCATTTTCTT AATTTCTTCA ATTGAAATTT CATGATCGTG TAATTCACCTA TAAACGCCCA	2220
5	TTTCACGAAT TCGGCGTGTA ATTAATTGGT TGTATTGGCT ACCAAAGTCT AAGACAAGGA	2280
	TTAACTCTTG TTCTTTTGCC ATTTCCATAT TTGTCGTTCT CCTTTATCTT AATTAGAATG	2340
	AGTAGTTCGG TGATTCTTTC GTAATTTGAA TATTATGTGG ATGGCTTTCT GCTAAACCAG	2400
10	CAGGACCCAT ACGTGTAAT TGTGCTTCTT CGCGTAATTC TCTTAAATCG TGTGAACCAG	2460
	TATAACCCAT ACCAGCACGC ACACGCCCA TTAATTGGTA AATTGTATCT TGTAACGCAC	2520
	CTTTATAAGC CGTACGTCCT TCGATACCTT CAGGAACAAA TTTCTTAGGC GCTTTGTCCT	2580
15	CTTGGAAGTA ACGGTCGTTT GAACCTTTTT CCATCGCACC TAAAGAGCCC ATACCACGGT	2640
	ATACTTTATA TTGTCTACCT TGGAAAATTT CTGTTGCGCC TGGGCTTTCT TCAGTACCTG	2700
20	CTAATAAGCT ACCTAACATA ACCGCATGTC CACCAGCAGC TAATGCTTTA ATGATATCTC	2760
	CTGAGAATTT AATACCACCA TCAGCAATGA TAGCTTTACC ATGTTTGGCT GCTTCAGTtG	2820
	CACAATCATA AATTGCTGTA ATTTGTGGTA CACCAACACC TGCTACAACA CGCGTCGTAC	2880
25	AAATTGAACC TGGGCCAATA CCAACTTTAA CAATATCTGC ACCCGCTTCA AATAAATCTT	2940
	TTGTTGCTTC TGCAGTTGCT ACGTTACCTG CTACTAATGT GATTTCTGGG TAAGTCTTCT	3000
	TAATATGTTT CACTTGATCG ATAACACCTT TAGAGTGACC ATGTGCTGTA TCGATAACTA	3060
30	AGACATCCAC ACCTGCTTCG ACTAATTTTT GAGCACGAAT ATCAGTATCT TTTGAAATAC	3120
	CAATTGCTGC GGCTACAAGT AGACGACCAT GTTCATCTTT TGCTGCATTA GGAATTGCA	3180
35	TAACCTTTTC AATATCTTTA ATAGTAATAA GACCTTCTAG ACGTCCGTCT TTAACCTAATG	3240
	GTAACCTTTC AATCTTATGT TTTTGGAGAA TTTTCTGCTC TTCTTCAAGT GTTGTATTCA	3300
	CTGGAGCTGT AATTAAATTe TCTTGCGTCA TTACATCTAC AATTTTAATC GAGAAGTCTT	3360
40	CAATAAAACG TAAGTCACGG TTTGTTAAAA TACCTACTAA GTTGCGATCT TCTTTATTAT	3420
	CAACAATTGG TACACCTGAA ATACGGTATT TACCCATTAA TGCTTCTGCT TCATAAACGC	3480
	TTTCTTCTGG CGTTAAGAAA AATGGGTTTG AAATGACACC ATTTTCTGAG CGTTTTACTT	3540
45	TTTGAACCTC GTCCGCTTGT TCTTCAACGC CCATATTTTT ATGAATAACA CCTAAACCAC	3600
	CTTGACGAGC CATAGCAATC GCCATTTTAG ATTCAGTTAC AGTATCCATA CCAGCAGAAA	3660
	TAACCTGGAAT ATTTAATTTA ACTTTGTCTG ATAATTGTAC GCTTAAATCA ACGTCTTTCTG	3720
50	GTAAATATC AGATTGTGCT GGAATTAATA ACACATCATC AAACGTTAAT GATTCTTTTG	3780
	CAAATTTACT TTCCACATT AAAAAACAGCC TCCATTTTTT AAATTAATTA GTTATATTAT	3840

55

	GCAGAGATTG CGCCTAAAAC AATTCCGTTT TGAGTCAACC ATGCAAATTG TTCACCTAAA	3960
	CCTTTAAATG CTTGTGGTAC AGCGCTTATA CCAGTACCTA AtCCTACTGA TACAGCGATA	4020
5	ATTAATAAAT TGTTTTGATT TTTAAATCG ATATGTCCTA ATATACTAAC ACCATATGCC	4080
	ATTACCATGC CAAACATAGC TATCATCGCA CCGCCTAACA CAGGTAGCGG TATGATATTT	4140
10	GCTAATGCGC CAAGCTTAGG TATACAACCA CATATAAGTA ATAACACGAC CATGCCGTAT	4200
	ATAACATTGT TTTTCTTAGC GCCGGATAAA GAAACAAGTC CTACATTTTG CGAATAGGCT	4260
	GTATACGGAA ATGAATTGAA TATAGAACCT AAcACTATCG CTAGACCTTC CGCAGTATAA	4320
15	CCTTTACGAA AATCTTTTCT TTCTAACTTC TTACCGGTAA TTTCACTTAA CGCATGATAG	4380
	ACACCTGTGC ACTCAATTAA ACTAACGATA GCTACAATAA AGAACACTAA CGTCGATGTC	4440
	ACATCAAAGC TAAATCCAGA GAATCTAAAC GGCCTGGGA TGCCTAACCA ACCGGCATGA	4500
20	TTGACTTGAT TAATATCGAC CATCCCAAGT AAGCCAGCAC CTATCGTTCC TAAAACGAGT	4560
	CCAATTAATA TGGCAATACT CTTAATAAAT CCAGTTGTGA ATCTTTGTAA AAGAAGAATA	4620
	ATGATTAATG TCATTAAACC TAACAAAATG TTCTTAACAT CTCCATAGTC CTTTGCACCT	4680
25	TGACCTCCAG CTAAGTAATT CATTGCTACT GGCATTAAAT TGATACCAAT GATAGTAACA	4740
	ACACTACCCG TTACTACTGG TGGGAAGAAT TTTACAAGAT GTGAAAAGAA AGGCGCGATG	4800
30	ATAATAACTA ATATCCCTGA TAAAAATAGC GAACCATAAA GTACATCTAT TCCTTTCGTT	4860
	TGACCAATTA AAATCATGGG CGCAACAGCC GTGAATGTAC ATCCAAGAAC GATTGGTAAT	4920
	CCTGTTCTCG TTACTTTATT GGCTTGTAAG AATGTGGCAA CCCCACACAT AAATATATCT	4980
35	ACTGTAACTA AGTAAGCGAT TTGTTTCAGG GTAAACTTCA AACTTGTACC AACAATGATT	5040
	GGAACATAAGA TAGCACCTGC GTACATAGCT AAAAGATGTT GAACACTTAG GATTAAATTT	5100
	TTCAATTATTC TTCTCCACC AATGTCACTT TGTTTCCTTC TAGTGAAGCA ACCTTGACAG	5160
40	GAGAAGAAAC TGTTAAACCT GCTTCTTCTA AACGTTGATG CCCATTTTGG AAACCTCTTT	5220
	CAACAACAAT ACCAATACCA GCTGTCTTAG CATTGCTTGC CTGTGCGATA TCGTATAATC	5280
	CTAATGAAGC ATCACCATTT GCTAAAAAGT CATCGATGAT AAGTACAGTA TCTTCTTCTG	5340
45	ATAAAAACTC TTTTGAAACA ATGACCGTAC TTGTTTTATT TTTAGTAAAT GAATGAATAG	5400
	ATGTTTCATA ATAACCATCC GTCAAAGTGC TAGGTTTTGC TTTTTTCGCA AATAAACATG	5460
50	GCACATCAAA ATGCAGTGCA GCCATGATTG CAGGTGCGAT ACCGGAAGCT TCAATGGTTA	5520
	AGATTTTAGT AATCCCTTTA TCTTTAAATT GCTCGTAAAA AGTGCGACCA ACTTCATTCA	5580
	TTAACTTTGC ATCAATTTGA TGATTTAAAA ATCCATCGAC TTTTAAAATC TTCTCATCAA	5640

55

ATTTGTGTGA AACATTTTGC TCTTAAATTG GTGCTAGATA CAAAAAATC CCCAAACTAA 5760
 ATAATAGTTT CAGGGTTTAT GAGTGAACGa ACATGCATAA CGAATTTGTC ATGCAATCAA 5820
 5 TGTAAGAGAA GTTTCATCAA ATAAACTGTG ACCATCATAT AAAATGATAT AAATCACCCA 5880
 CCATGGTTAC AATTTAATGG CTGAAGCTAC TCCTAGTATT GTGTTGTTAC TCATAGTCAT 5940
 GTCGTTCAAG GCAACATGGT AGAACTTCT AAAGCCATAT TCTTTAGATT ATATGAGTTT 6000
 10 ATGTAAATTA TTTAACGATA ATAGCAAATT TTCGGCATT TTTCAATAAC TGCTTAGGTA 6060
 ATCTTTTAAT AGTTTT 6076

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 307:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 6136 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 20 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 307:

25 ACCGCCGATT GATAGCTTTA CTGCTGCGAT AAAACTGCCT TCAACAATTG GTGCATCAAC 60
 TTTTAACACA CGATGATTAC CATCATACAT TTCAATTGCC ATATCTACAT TCATTTCTGA 120
 AGATCCAATA TCGTAAAAAC ACAATGCATC ATCTCTAAT TTAGTCAAAA CTTCTGGAT 180
 30 GATATCAAAT GAAGTTCCAA TTGAACCATC TGGTAATCCC CCGATTGGTA TAATATCAAC 240
 GTCACCTGCC ATTTGCTTTA ACAAAGATTT TGTACCACTT GCAATTTCTT TACTGTGGCT 300
 35 AACAAGTATA ATTTTAGGCA TTATCTTCAT CTCCAATCAA AGCGTTTAAA ATATAAACCA 360
 TACTTTGAGC ACCTGGATCA ATATAACCTT TTGATCTTTC TCCAAAATAT GCAGCTCTAC 420
 CTTTCGTTGC TACCATATCT TTTGTATTAT CTGCTAATTG CTGTAAATCA TTGAATGTTA 480
 40 AAGTTTCACC ATTTTAAAGC TTCTCTGCTG CTCGCGCTAC TACATCATAC ATTGTCTTTT 540
 CATTTAAAGT AACTTTACCA CGTGATTCAA CCGCTTCGGC AAATGCCTGA ATTAGTGTA 600
 TGAAATCTTG ATTATCCATA TCATCTTTGG TGAATGCAGA CATTTTAAAC AAGCTAAAGC 660
 45 CATACAGTGG TCCTGATGCA CCCCCAATC TTGACATCAA TGCCATACCA GTTGATTGTA 720
 ACAATGATTG CATTGAGCTA TCATCAAGTT TGTCTTTAAG ACTACTAAAC CCACGAACCA 780
 TGTTAACCCC GTGGTCACCA TCACCAATTG CTCGATCTAA TTCAGTTAAT TCAGATTCAT 840
 50 GTTTTTTAAA CGTTTCTTCT AAATTTAATA AACGTGCTTT CATATCATTC ACTTTCATTT 900
 GTGCCACCTC ATAAATGTAT ATTTATTCAT ATTCACCTCT TATTTAAAGT ATTGACTTGT 960

	ACCTTGCA TG TCTAAAGATG TCATATAATC ACCAACAAAC CATTTAGCAA CATTAACCGT	1080
	TCTTGCA GCT AAATTTTGT GAATATATTT AGTTACGATA TTTAATTCAG ATAACGGCGT	1140
5	ACCACCCATA CCATTTACCA TTAATATGAC ATCATTGGCA GTAACCTCTT TATACAATTC	1200
	GTCTAACAAAT GTTCCAACAA TATGATCAAT ATCCTTTACT TCTTCCCTAT GAATACCTTT	1260
10	TTCACCATGT ATACCAATAC CGATTTCCAT TTTGTCGTCT TCAATATCAA AGCCATATTT	1320
	TCCAGTAGTT GGAACAAGCG GTGGCTCAAT TGCCATACCA ATACTTTTAA TTTCAGGTAA	1380
	CAACGCTTCT ACACGCGATT TTATCTCTGT TAATGAATAA CCTTTTTTCAG CAAGATAACC	1440
15	GGCAAGCTTA TGAACAAACA CTGTTCTGCG AACACCACGA CGTTGTACTT CGTTTGTGAC	1500
	AGCAATGTCG TCACGAACAA TAACAGTTTG AACATTTATA CCTTCCATTT CTGCAAGCTC	1560
	TTGTGCCATT TCGAAATTCA TCACGTCACC TGCATAGTTT TTTACAAC TAATAACACC	1620
20	ATCACCAGTA TCTACTGCTT TAATAGCTTC TAATATTTTA TCAGGTGTAG GTGATGTAAA	1680
	TACTTCGCCA CAAACCGCTG CATCTAGCAT ACCTTCTGCA ACAAACCGG CATGCGCAGG	1740
	TTCATGTCCG CTTCCACCTC CAGAGACTAT TGCTACACCA TGTTCTTTCT TAGCTTTTTT	1800
25	TACAATAACT GTATTAGCAA TCAGATCTAA CTCTGGGTGC GCAATTAACA ATCCTTCAAG	1860
	CATATCAGTT AAAAATGTTT CTTTTTATT GATTAACCTT TTCATCATGT TGTACCTCCT	1920
	TGGTATTATC AGTCATAGTA TAAACAGAA TAAATGAATG CGCTATCATA AAGAATTAAC	1980
30	CTGATACCGT TATCAAATAT ATTTTGTGATA AGATCCTCTT GATAACTTAA TGGTTCATTA	2040
	TTGAAAAAAT AAATAGTCTT GAGTGGCTCA TTAAATAAAA AATGCTATGA AAAGCCTTAT	2100
35	AATAAAGTGC CTTTCATAGC AATAAGTTGT GTCCATTGAC ACTATACATT TTTCGTTTTG	2160
	TACATTAAAT ATAAGAAATA CGGTGCACCA ATAATTGCTA CGACAATACC TGCTGGAACC	2220
	CCACCTGGTT GTAATACAAT TTTGCCAATT GTATCAGCTA TAACAAGTAA ACATGCCCCT	2280
40	ACTAAATGCG CAATTGGTAA AAACAACCTGG TGACGTGGTC CAACGATACG TTTGGCAATA	2340
	TGCGGACCCA TTAATCCGAT AAACGAAATT GAACCTGCTA CTGCTACAGC AGCAGATGAT	2400
	AACATCACTG CGATAAAGAA TAATATTAAA CGTTCTCTGC TTAACCTTAC ACCTAGACCT	2460
45	CGTGCAATAT TATCACCCGT ATGAATAATA TTTAGTGTAT TCGATTTAAA TAGTAAGTAA	2520
	GGAATAATAA TCAACACCCA CGGTAAAAAT GCAATGACAA ATGGCCATTG GTCACCCCAA	2580
	ATATTACCTG CAAACCAAGC AGCGATGAAA TCAGATTGCT TATCATCAAA TTTTGACATA	2640
50	ATTGTAATTG AGCCACCATA TAATGCTGTT TGTAACCTA CACCTATTAA TACCATACTC	2700
	GCAGGTGTAA CACCTTCATT TTTATTAAAA CTGAATAATA AAATAATCaA TGCAGTGgTG	2760

55

	CCAATTGCAA TAAATAATGC GATTGCAAAT CCGCCACTGC GTTAATACCT AATATACCTG	2880
	GTTCAGCTAT TGGATTTTTT GTGACACTTT GCACTATTGC ACCACTAATA CTAAGCtGCG	2940
5	CCAGCCAAAA TAGTAATCAT CATCCGAGGT AACCTGAAAT CTAATAAGAT TAACTCATCA	3000
	ATGGCATCAC CTTGTCCAAT TAAAGTTTTG AAAAATCTTT CAACAGGTAT GTTGTATTCA	3060
10	CCTGAGGTAA TACTCCAAGT ACAACCTAGA AATAGTAGAA TGCTAAAAAC AGCCAGTGCT	3120
	ATCAATTGTC TCGTTTTATT ATTTGAACTA ATCATATTGA GCGTCCTCCT TTTTAACTA	3180
	AATATAAAAA GTAAGGAACA CCGATAAATG AAATGATTGC ACCAACAGGC GCTTCTCCTA	3240
15	AATATCGTGC TATCACATCG GCAACAAGCA CGAGTATCCC ACCTAACAAG GCTGTTAATG	3300
	GTAGAATTTT AGCATAATCA GTTCCAATTA AAAATCTTGC TATATGAGGT ACCATCAAAC	3360
	CTACAAATGC AACTTGTCCA GCGATAGCAA CTGCAATACC TGCTAGAATC ATAGCAATAA	3420
20	TTAAACATAT GCCTCTGATC ATTGTTACAT TTTGACCTAA ACCTTTAGCT AATGATTCAC	3480
	CAAGATTTAA AATGGTAAGT TGTTTACTAA TTGTTAATAT AATGAATAAC GCAATACCAA	3540
	TTAATGGAAT TGCCCACTTA AGGTGTGACC ATGTTGTGCC TGAAACGCCT CCAGCAGTCC	3600
25	AAAATGTTAC TGTTTGATT AGTCTAAAAG CTAATGCAAT ACCTTGACTT AGCGCTGTTA	3660
	ACATAGCACT TACTGCTGCA CCCGCTAAAA TAATACGCAT CGGATTAAAT CCATCACGTC	3720
	TAGATCGGCC TATCATTAAAT ACAATAGCAC CTCCTAGAAT AGCACCTAAA AATCCAGCAA	3780
30	ACATCAATAT TAAAAATGAA GTGTTTGGTA AAACCTGCATA TGTTAATGCT AAAGCAAATG	3840
	AAGCACCTGA ATTTAAACCT ATGAGCGCCG GATCAGCAAG ACCATTACGA GTAACACCTT	3900
35	GTATAATCGC ACCAGAAACT GCAAGCGCCA TACCTACAAT TACTGCTGCT ATATTTCTGG	3960
	GAATCCTAAT CTCATTGATG ATGTTTTGCT GTTGATTGCT AGGATTATAA TAAAAAATAG	4020
	CCTCTATAAT TGTAGAGGCT TGAATTTTGG CGTCACCTAT TAATGTAGAA ATAAATAGTG	4080
40	TGATTAGTAG TATCATACTT AAACCTATAA TATAGGATAA AAACCTCAAT GGCCTTGGGT	4140
	TCTCTCTATT TGTCACTTA ATTGTCCTTT TTATCATATT AACTTACTTA ATTAAGAATA	4200
	AGCTCTGCGA CATAAGTCAT AAGTTACCAG TAAAGGTTTT CCAGTTTTAG GATCTTTACT	4260
45	TAAAACAACA TCAATATTAA AAACCTTTTC TAATATTTC TGTGTTAATA CGTCTTCTGT	4320
	TGAACCTGTA GCGATGATAT CCCCTTCTTT CATCGCAATA AGATGATCTG AGAAACGAAT	4380
	CGCTTGTTG ATATCATGAA GAACCATGAC AATTGTACAA CCTTGTCCT GATTAGCTT	4440
50	CTGAACATA TCTAGTATT CTAATTGATG ACAGATATCT AAATATGTTG TTGGTTCGTC	4500
	TAAAAAGATA ATATCAGTTC TTTGTGCTAA TGCCATTGCA ATCCAAACAC GTTGTCTTTG	4560
55		

TGCCCAATCA ATtCTTTCT TAtCCTCAGC AgTTAATCTA CCAAATCCTT TTTGATGTGG 4680
 AAAACGACCA TATGAAACTA ATTCCCCAAC AGTTAAGCCA TCTGCTACTT CaGGTGaTTG 4740
 5 aGGTAAAaTG GctATTTTTt TGcAATCyCy TTCGTAGATt GTGtATGAAT ATTTTCACcA 4800
 TCTAAAAATA CTTCGCCTTC TTTAACTGCC AATAAACGTG ACAATGCCTT TAGCAAAGTA 4860
 GATTTCCCGC AGCCGTTAGG ACCAATGATT GACGTCACCT TGCCATCTGG TATTTCAACA 4920
 10 TCTAATTTAT TTATAATCGT GTTATCCCCG TAACCAATTT TAACTTGTG TCCATGCAAA 4980
 CGATTcATAA TTTCCCTACT TTCAATAAAA TTCTTTCTGT TTATAAAAAA TAATTTCTAT 5040
 15 TTTTAAATTA TCAATTTTCA AAGACATCCC AATTGATAAT GATTATCATG AACATCATTa 5100
 TAACAATTTT CAATCTTATT GACTAACATT ACTTTTTAAA TTGGATAGCT CGATTTGTCA 5160
 TGTCTTGtAT ATTACTTTTA TAAATAAAAA AACGCCcACA GATAAGTCTT CATAGTTCAA 5220
 20 AAACCTTGCC GTGGACTTCT ATTTAAGTAT GTGTGCTCAT ACCATTTATT TATTCATCTG 5280
 CAAGAAAGCC ATTACCATAG ACATCTCTTA CATCATGAAT TACGAGGAAT GCATCTTTAT 5340
 CGATTTGTTT AATTAATCGC TTTGCTTTTG AAACCTGTGT TTTAGAAATA ACAACGTATA 5400
 25 AGACATCTTT TTCTTCACGC GTATAATAGC CATGTCCGTT TAAAATGGTT AAACCTCTTC 5460
 CAATTTGCTC GTCTATTGCT TTGGCAAGTT TGTCGGGATT AGTTGAAATA ATCGTCATAG 5520
 CTTTTTTAGT GTTTAAACCT TCTATGACAT ATTCCATCAC TTTTGTTCCT ATATAAAGTG 5580
 30 ATATTACTGT TACTAATACT TTATCAAGTG GAATAACTGT AAGTGAAATT GCAACAACGA 5640
 TCATATCGAA GAAAAGCAAA GCATATGGCG TGCTTACATC GAGGTATTTc GTTGCAATTC 5700
 TCGCCAAAAT TGTTGTACCT GCTGTTGTAC CGCCTGCAAG GATAATTACT CCGATTcCTA 5760
 35 GTCCAACGCT TACACCACCA AAAATGGCAT TCACAATGCT GTTTCCAGTT TCTACTTGCC 5820
 ATGATTCTGT TAAACTCAAA AATATTGAAA TAAGAATTGT TACAAGAATA GTTAAGTACA 5880
 40 TACTTCTCTT ACTCAAAAAt TTATAAcCTA TGGCAATCAA TACTGCGTTG ACCAAGAAGT 5940
 TAGTGATGGC TGGTGAAATA TGAAACGCAT AATATAAAAT AATTGCTAAA CCTGTAACCC 6000
 CGCCTTCACC TAAGTTACCA GAAATaATAA ATGCATTTAC ACCTGCAGCA AAGATAAATG 6060
 45 AACCTAAGAC AACTAGTATT AAATCTTTAA CCGTTTTATT CACGAAACCA TCCCCTTTAT 6120
 ATATTTATTA GACTAT 6136

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 308:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2576 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 308:

5	GATATCGTAs	CTACTGAAAA	GTCATCACCA	CCATGGAATG	ATTCCTTTAA	ACGTTTTAGC	60
	TTCTATGCAA	TTGCAATTCA	ATACTTTGTT	GTACAATTTA	TCATTACATT	ATTCTTAATT	120
	TGGTTACCGA	CGTATTTAAC	AGAAGTATTC	CACGTTAACT	TTAAAGAAAT	GAGCATTAGT	180
10	TCATTACCTT	GGTTATTAAT	GTTCTTCTTA	ATCTTATCAG	CAGGTGCAAT	TTCTGACCGT	240
	GTATTAGGAT	TAGGTCGTTT	AAAATTCGTA	GCTAGAGGTG	TAAATGCAAT	TGCAGGATTT	300
	ATTGTGTTTG	CAGTTTCAAT	TATCTTTGCT	GTACGCACAG	GAAATTTATA	TGTAAGTATT	360
15	TTCTGGTTAT	CACTAGGTCT	TGGTGGTATC	GGTATTTCAA	TGGGTATGAG	TTGGGCTGCA	420
	GCAACTGACT	TAGGACGTAA	CTTCTCTGGT	ACAGTATCAG	GGTGGATGAA	CTTATGGGGT	480
20	AATATAGGTG	CATTAATCAG	TCCGCTATTA	GCAGGTCTAT	TCGTAGAACA	TTTGGGTTGG	540
	ACAATGACAT	TCCAATTGTT	AATCGTTCCA	GCAGTAATCG	CTGTGATTAT	GTGGTTCTAT	600
	GTGAAACCAG	ATCAACCTTT	AATTGTTAGT	GATGATAAAG	CAATAGAAAA	ATAATTTAAA	660
25	CAAGCAGTAA	GCTTTCACAT	AGTTGGGGCT	TATTGCTTTT	TTTGCCTTGA	AATTGAAACT	720
	TTTTAAACA	GATATGGTTT	AAGATGAAAA	TGAAGTTATT	GAAATGATAT	ATGTAAAGAA	780
	ATAAGGTTTT	AAAACATTAG	TCAGGTAACG	CTTGTAaAAG	TACATATAAA	TTTTAACTAG	840
30	CGCAAAGGTG	GGCGACCAAA	GtTCAACGAT	GTTAAATAAC	aTTAGrAATT	AATTTTAATT	900
	GGACTTTAAA	AGTTTTTAAA	TTTAGATAAT	TGAGCATAAG	GTGTTATAAT	GACATATGTT	960
35	GCGTAATTAA	AATTTATAGC	AACAAATTCA	TTTTAACTAT	GCTAATAAAA	AGATTATGGA	1020
	AATATTTTGA	CAAGGAAAGG	AGAAGTCGAA	ATGACATCTT	TTTGACATCA	CTCATAAAAA	1080
	TCAATCGACT	TAACCTAGAC	TTTTATAAAG	GTGTAAGACA	GGGACTGTTA	ATGATTATTC	1140
40	CTGCAATAAT	CGTTACTTAA	TGTGGTAATT	TCCAATTTGG	ATTATTAGTT	GCAACCGGAA	1200
	CACTAGCCCA	TATTTATGTT	TTTAAAGGTC	CGTCGCGATC	TAAGCTGCGA	ACTGTAATAA	1260
	TTTGTAATTT	AGCGTTTGCA	ATATGTATGA	TGCTTGGTAC	GCTAACAGCC	AAAACGCCAC	1320
45	TCGTTTTTGG	AATGACATTA	TTAATTGTTA	CGGTATATACC	ATTTTATATA	TTTACTGCCT	1380
	TAAAAATAGC	TGGACCGTCA	TCGACATTCT	TCATTGTGAC	ATTCAGTCTA	CCCATTAACT	1440
	TACCTATAGC	TCCCGAAGAA	GCATTATATA	GAGGCTTTGC	GATTTTAGTA	GGCGGTATAC	1500
50	TTGCCACTAT	GATGGTGTTA	ATCACGATCG	TATTTTCTAA	AAACAAAGCT	GAAGAACAAG	1560
	CAATTCAAAA	TGATTTTAAA	CTCATATCTA	AGTTGTTACA	CACTTATAAT	GATAAATCTG	1620

55

	TCACCTTCTAC TTCAAGTAAC GATAAATTAA GTAGACGTTT CCAAAAATTA TTATTATTAC	1740
	ACACATCTGC CCAAGGGATT TATTCTGAAC TGTTAGAGTT GAACGCTAAA CAAATTCGAC	1800
5	CATTGCCAGA TGAGTTAATT GAAATGATGG ATCATATCAT TGCACAAC TA GATAATAGTG	1860
	AGGAAAATGT AAGATATTGG CGAAAAGAAG TGACAGTAAC AGAGGAATTT CAAAATTTAT	1920
	TCAACCATAT ATTGAAAATT GATGAAATGG TGCATGCAAA TGAAGCGCGT ATTGCGTATG	1980
10	AAGCAGACAT GCGAAAACCT TTATATAGTA AACGCATT TA TCaAAATTTA ACaTTAGACT	2040
	CtAtkGTTTT TAGAAATACA TTGAGATATA CAGCGATTAT GATGATAGCG ATATTTATTG	2100
	CGTTAATGTT TGATTTTGAA AAAGCATACT GGATACCGTT ATCTGCACAT ACAATATTAC	2160
15	TAGGAACATC AACTATACAT GCAATCGAGA GAGGTATGGC ACGAGGTTTA GGTACTATTT	2220
	TAGGTGTGTT AGTACTTTCA GTCATATTGT TGTTTTCAAT ACCAACACCT GTTGCAGTAA	2280
	TTTTAATGGG CATTGCAGCA TTGTTTACTG AAGCATTGGT GGGAGCAAAT TATGCGATTG	2340
20	CAGTAGTTTT TATTACAATA CAAGTTATTT TAATGAACGG ATTAGCATCA CAGAATTTAA	2400
	CAATTAACAT TCGTTTTCCA AGAGTTATTG ACGTTGCAAT GGGTATTGTG ATTGCAATCA	2460
25	TAGGTTTATT TGTCTTGA CAACGTACCG CATCCGCATT GCTTCCTAAT GTAATGGCTG	2520
	AAGTTGTTTCG TAAAGAAGCA ACGCTCTTTC ATTATTTATT TTCTGAAAAT CAATAT	2576

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 309:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 668 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 309:

40	CAAGCACATT ACGATGGTCT AATACTTTGC TAATAATTTT TCCTTGTCCT GGTCGAAACG	60
	TTTCATACCC AAAGTAATGC GATAATGTTT GTTGCATCAT AAATTGACCC CTTATTGTTG	120
	TTCTTTAATT TCTTCTAACT CACTCCATCT TGTGATGTCT AAATCATATT GAATTTCAAG	180
45	TTGTTCTTTT TCTTCGTTTA ATTCTTTAAT TTTCCCATAA TCTGCACTTG CCTCAATCAT	240
	GAGCACATCA ATTTCTTCCA TTCTTACTTC CGCTTGTTCT ATGCGTTTCA TCAATTGTTT	300
	ATATTCTAAT TTTTCTTTAT ATGATAAACC ATTTTCTTTA CGTACAGTTG TAGAAGATTT	360
50	AGATTGTTGC TTCAATGTGG ATTTATTTTT ATCTAATGAT TTTTATAAC TTTCATAATC	420
	TTCAAAAGTT CCGATAATCT TTTCCATCTG ACCATCATGA ATAAACCAAT ATGACTGTGC	480

AATATAATCT TCAAGTATTG TTAAAGTCTC AGTATCTAAA TCATTGTGCG GTTCATCTAA 600
 CAACAGAACA TTTGGCTGGT GTACGAGTAG ACGTAATAAA TACAAACGCT TTTGCTCTCC 660
 5 ACCAGATA 668

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 310:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 12173 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 310:

CATCAGTTTA TTTTGAAAGG CAATGCGATC ATTCATGTA TTTATGTTGT TTGAAACATC 60
 20 GTTAGATAAC AATAGTGATA TTGCACATTT TAAGCTGAAG ATGGAAAAAT ATTCGATAAT 120
 CAAATAAACA ATGAATTTTA GAAGGTACAA TGACGTTTAC TAATTTAAAT ATAGCTGAAT 180
 GTGTGGTGA GTGATGTTCA CTATAGATTT ATATTAATAT ACAAAGACAA AGGTTGTTAA 240
 25 TTTTATTAA GCGTTAGGTT GAATGTATGA GAATTTTGA TTTATAATAG AAGATAGAAA 300
 CGAAAATTTT TCTTAAAGC AGTAATGTTG ACTCAAAATA AGCTATAATA ATGACACTTA 360
 TTTAATTGAT TAACATTTGC TAATAAATAT CAATATAGAA TATAACTTTC CAATAATGAC 420
 30 TGAGAAAATC GAAATGTCAG TCTCGAATCA TATAATTAGA AAATTGATTA TTTCTGTCA 480
 ATTTAGGGTT GAACTATACA TATGATATTG TTAGAATATT TTTAACATT ATATTTTATT 540
 35 GCTTTAAAGT GGAATATACT TGAAATAATT AGTAGAGGTG AGTAAGGATG AGTAATAAAT 600
 TAGAATCATA CAGAAGTGAG ATTGTATCAC TGAATCATCA AATTTTAGAC TTATTATCTA 660
 AACGTGGTGA ACTAGCACAA AAAATTGGGG AAGAAAAATT AAAACAAGGT ACACGTATTT 720
 40 ATGATCCACA ACGTGAAAAA GAAATGCTTA ACGACTTAAT CGATAGTAAC AAAGGACCAT 780
 TCAACGATAA TACTATTAAG CAATTATTTA AAGAAATTTT CAAAGCCTCT ACAGATTTAC 840
 AAAAATCTGA AAATGAAAAA CATTATATG TATCACGTAA GTTGAAACCT GAAGATACGA 900
 45 TTGTAACATT TGATAATGGG GGCATTATAG GAGACGGCAA TAAATCATTT GTATTGGGC 960
 CATGTTTCAGT TGAATCATTT GAACAAGTTG AAGCTGTTGC TAAAACTTA CATGCTAAAG 1020
 GTGAAAAATT TATTCGTGGC GGTGCATTTA AACCACGTAC ATCACCATAT GATTCCAAG 1080
 50 GCCTAGGTGT TGAAGGACTT AAAATACTTA AACAGATTAA AGATAAATAT GATTTAAATG 1140
 TTGTCAGCGA AATCGTAAAT CCAATGATT TTGAAGTGGC TGATGAGTAT TTAGACGTAT 1200

	AAAAGCCTAT TCTATTAAAA CGTGGTTTAT CTGCTACAAT CGAAGAGTTT GTTTATGCAG	1320
	CTGAATACAT TGCTTCACAA GGTAATCAAA ACATTATTTT ATGTGAACGT GGAATCCGAA	1380
5	CTTATGAAAA GCGGACACGT AACACTTTAG ATATTTTCAGC AGTACCAATT TTAAACAAG	1440
	GTACACACTT ACCAGTCATG GTAGATGTTA CGCATAGTAC AGGTCGTAAA GATATCATGT	1500
	TACCAACTGC GAATsAgCAT TAGCAGTTGG TGCTGATGGA GTTATGGCTG AGGTGCATCC	1560
10	AGATCCATCT GTTGCACTTA GTGATGCGGG TCAACAAATG GATTTAGATG AATTCCAAGC	1620
	ATTTTATGAT GAATTAAAGC CTTTAGCTGA TTTATATAAC GCTAAAAAGT TAAATAATA	1680
15	TTCCAAGGAA ACTATAGACT ACTTAACTAA TATGTCATGT TGAAGTAGAA TATTATCTTT	1740
	GAATCGACAA TTTTAACTT ACAGCCATTC TAAGAGTATA TTACTTTTAG AGTGGCTATT	1800
	ATTTTTTGTA TAGAAATAAA GGTATACTGC ACTTAACGAT TGTTATAATA CTTGACACT	1860
20	TGTTCAATTT CACAATTATT AAAGATTATG ACTGATAGCA GTAATTAAAA TTATAACTAT	1920
	GAATTATCTG TAAATATATA TAGATTACCA CATTGTGTGC TGAAATGTGA ACATTTTTC	1980
	ACAAATGCAA TTGATATTTG AAAAGGCTTT CTCAAACAT TACAATTAAA AATGAAAAAA	2040
25	GTTTATATAA AATTAAAATA TATCGTTCGT TATCATTTAG CGTTTGTTTT TATTCAAGC	2100
	TTTTCGCTAA ATTTTCCAA ACAAAAATAT GTTACTGTAA ATTAAAATAT GGTAAACTAT	2160
	GAAATGAAA TGAAAACATG TTATTATAAT GAATAAACG TTTACAAGGA GGAAATTATG	2220
30	ACAGTTACTA TATATGATGT AGCAAGAGAA GCGCGTGTCT CTATGGCCAC AGTGTCGCGT	2280
	GTTGTTAATG GGAACCAAAA TGTTAAAGCA GAAACTAAAA ATAAAGTTAA CGAAGTCATT	2340
35	AAGCGTTTGA ATTATCGTCC AAATGCTGTT GCTAGAGGTT TAGCTAGTAA AAAGACAACA	2400
	ACAGTAGGTG TGATCATTCC AGATATATCT AATATCTATT ATTCACAACT TGCTCGTGGA	2460
	CTTGAAAGATA TTGCAACAAT GTATAAATAT CACTCAATTA TTTCAAATTC AGATAACGAT	2520
40	CCTGAAAAGG AAAAAGAAAT TTTTAATAAC TTATTAAGTA AACAGGTTGA TGGTATTATT	2580
	TTCTTGGTG GTACAATTAC TGAAGAAATG AAAGAATTGA TAAATCAATC ATCTGTACCT	2640
	GTAGTAGTAT CAGGAACAAA TGGTAAGGAT GCACATATAG CATCAGTTAA TATTGATTTT	2700
45	ACTGAAGCTG CGAAAGAAAT TACGGGAGAA TTAATTGAAA AAGGCGCTAA ATCATTGTCT	2760
	TTAGTAGGTG GAGAACATTC TAAAAAGCT CAAGAAGATG TTTTGAAGG TTAACTGAA	2820
	GTGTTAAATA AAAATGGCCT TCAATTAGGT GATACATTGA ATTGTTCTGG TGCTGAAAGT	2880
50	TATAAAGAAG GCGTAAAAGC TTTTGCCAAA ATGAAAGGCA ATTTGCCAGA TGCCATTTTA	2940
	TGTATCAGCG ACGAAGAAGC AATTGGTATT ATGCATAGTG CAATGGATGC TGGTATTAAA	3000

55

	CCACAAC TTT CTAGTG T TAT TCAACC ATTA TATGAT ATCG GTGCAG TAGG GATGCG CTTA	3120
	TTAACAAA AT ATATGA ACGA TGAAAAG ATA GAAGAACCAA ATGTAG TTTT ACCTCACAGA	3180
5	ATTGAATACC GAGGAACTAC AAAATAAATT CACAAAATTA GGCATTTCATC TAACGACCCA	3240
	AATTATATGG GTGTTGGAAG AATGCCTTTT ATTTATCTTT TAAAATCGTT GCAGATTAGG	3300
	TTACTTATTG ACGAGTAGAT TCGTACCAAC TCGCTATATG TAAAGCTAAT TTTTATTTT	3360
10	TTTCACTAAT TTCTTTTG TG CGGGGGACAT AGGTATAATC ATTTAAACGA TCTTCCCATC	3420
	TTTTAGGTAA TAATTCAGAT GAATAATGTT TCCATTTATT AATCCATTCT AACGGTAAAT	3480
15	AACCACTTTG AATTGGTTGA TCAATTAAAC TTAAGAATAC ATGACTCCAT GCACGTGGTA	3540
	CGACTCTCCA AATATTGTAG CCTCCGCCAC CAAACATAAT TACCTTTCCA TTCGTATAAG	3600
	AATCAGCTAA ATATTTTACA AAATATGGAA TTTTATATAA TGAATGTAAC GTACAATTTA	3660
20	GATGAGTTAG TGGATCACGA TAATGTATAT CGACACCATT TACGCTTAGA ATAATATCAG	3720
	GTTTAAAAC TTTTACGACA GGCTCAACTG TTAATTTAAA ACACTCCAAA AATGATGCAT	3780
	CTTCTGTATA CGGTTCAAGT GGGACATTTA CAGTGTGTCC ATAGCCGATA TCTTCACCGC	3840
25	GCTCAGTATA GTGACCAGAG CCTGGGAAAA GAAATTTTCC GGTTTCATGG ATAGAATAAG	3900
	TAGTAACATG GTTATCGGCA TAGAACTCC ATTGTGTACC ATCTCCATGA TGTGCATCGG	3960
	TATCTATGAT TAAAACGCGT TGATTGTATT CTTTAGCTAA GTATTGTGCG GTAATTGCAA	4020
30	TATCATTGTA TATACAAAAA CCACTTGCTC GACCAGGTTG AGCGTGATGC AAACCACCAC	4080
	CTAAGTGACA ACCATTTAAT ACTTTGCCTG ACATAATAAG ATCTGCTAAA GTTAAAGCGC	4140
35	CTCCAACAAT TGTGGCACTA TGGCGGTGCA TATGCTTAAA TTGACCATT CTTTCATCAT	4200
	TTAATCCATA TTTCTTAGCC TCATCTTCAC TGATAATGCC ATGTGAAGCA TGCTTAATAG	4260
	CTTCGACGTA ATCATATTTA TGAATTAACA TTAATTCGTC ATCTGTTGCA ATTCTAGGTT	4320
40	GTACTATTTG TTCTGGAGAC AATAAATTTG CATTCAAAAG TAGCTCTGTT GTTAATTTTA	4380
	AACGCATTTG ATTGAAGGGA TGTTGGTCAT GAAATCGATA TTGTAATAAC TTATCTGAAT	4440
	AAACATATGC AGTTTTTGAT GAATGTTGTT GCATATAATC CCTCCGATAT TCCAAAAATT	4500
45	AAAAGAAAA CCGATTCTA TAACGAATAT CATCAAACGC TTGTTGCTGT TCTAATGTAA	4560
	TGTTTTTGCC AATTCTTGCC ATTAAACAAT TAGCTGGATG ACTTGTTATT TCTGGATCAT	4620
	CTGTAGCGAA TATTTCAAGT CCACCAGTTG CCATTAACCG CTGCATTAAT TTTTATAGT	4680
50	CAAATACATC TAACTTTGAA TTTTTTAAAT CCCAATGCCA GTAATATTCT GTAGTTATAA	4740
	CGATATAATT CTCGAATTCT GGTGTAGAAA GGCTAAGTTG TATCAGCTTT TCTGCAAGTT	4800
55		

	TACCTGTAGA CCAGCGCTCA ATTCATCAG GATAGTGGA AGTGACATAA CCCACAATGA	4920
	GTTGATCTTG GCGAGCAACA TAAATTCTAC CTTCTGGTAA TGTGTGAATT TCTAACAAAG	4980
5	CTTTATACTG ATCTTCAGCA TCTCTAAATG CGGTTAAATG CGCATCGAAA GTAAGCGCTT	5040
	TCAAATCTtC GTGTGTTAAA GGACCTTCAA TAACAAATTG CTTGTCATGA ATGTAATAAT	5100
10	CTTCGGATTG ATACGTCTTT AAATGATTCA TATTTTCAAC TCCTCAATCG ACGTCGTGAT	5160
	TGTATTAAAT TCATTATATA GAAaATTTAC AATAATTAAT ACTAGAAAAA GGATAAAAGT	5220
	AAAAATTTTG AATAATTAGA AATGTTATGT ATAATATTGA GAAAGAAAGC GTTTTCACAT	5280
15	AACAAAGGGG GAGTTTCAAA TGAAAGTCGA AGTTTATAAA GGAGCGCAAG GTAAACATAA	5340
	CCTTAAAGAT TATGAAGAAA CATATAATAC TTTTGATTGG AAAGACGTAG AACAAGCATT	5400
	TTCTTGGAGT GAAACTGGAA AAATGAACAT GGCATATGAA TGCATAGATC GCCATGTAGA	5460
20	TCAAGGATTA GGGGATAAAA TAGCGTTAAA TTACAAAGAT GAGCACAGAA AAGAATCGTA	5520
	TACTTATAAA GATATGCAAC GGTATCTAA TAAAGCAGCG AATGTTTTGT CTGAACATGC	5580
	AGAAGTTGAC AAAGGTGACA GAGTATTTAT ATTTATGTCG CGTACACCTG AACTATATTT	5640
25	TGCGTTGTTA GGTGTTTTAA AAATTGGTGC AATTGTTGGG CCGTTATTTG AAGCATTAT	5700
	GGAAAAGGCA GTTGCGGATA GATTAGAGAA CAGTGAAGCT AAAGTGTTAA TTACTAATAA	5760
	GGCATTGTTA CCTCGAGTAC CTGTAGATAA ATTACCAAAC TTGAAAAAAA TTGTTGTCGT	5820
30	AGATGAGGAT GTAGAAGACA ATTACATAGA CTTCATTAGT TTGATGGAAA CTGCTAGCGA	5880
	TGAATTTGAC ATTGAATGGT TAAAGTCGGA TGATGGTTTG ATTTTACATT ATACATCAGG	5940
35	TTCTACTGGG CAACCTAAAG GtGTATTGCA TGTTCAACAA GCAATGTTAG TGCACTATAT	6000
	TTCTGGAAAA TATGTATTAG ATTTACAAGA AGATGATGTT TATTGGTGTA CAGCAGATCC	6060
	AGGTtGGGTT aCAGGAACAT CTTATGGTAT TTTTGCACCA TGGTTAAATG GCGCTACAA	6120
40	TTGTATAGCT GGTGGTCGCT TTTCGCCAGA ACAGTGGTAT AGTATGATTG AAGATTTTAA	6180
	AGTGACGATT TGGTATACGG CACCAACAGC TTTAAGAATG TTAATGAGTG CTGGTGACGA	6240
	TATTGTTGAG AAATATGACT TGTCATCGTT ACGTTCGATT CTATCAGTAG GTGAGCCTTT	6300
45	AAATCCTGAA GTTATAAAAT GGGCGAAAAA AGTATACGGT TTAACGGTGT TAGATACTTG	6360
	GTGGATGACA GAAACAGGTG GACATATGAT TGTTAACTAT CCAACGATGG ACGTcAAGCT	6420
	TGGCTCAATG GGCAAACCAT TACCTGGTAT TCAAGCTGCA ATTATCGATG ATGCAGGGAA	6480
50	TGAATTACCA CCAAATCGAA TGGGCAACCT TGCTATAAAA AAAGGCTGGC CATCAATGAT	6540
	GTATCGTATC TGGAAGAATC CAGAAAAATA TAAATCATAT TTTATTGGAG ACTGGTATGT	6600

55

55

EP 0 786 519 A2

	GTGTAGCGAA AGATAATTTA AAAGAAGAAA ATGTAGAAGC AGTAAAAGCA GGAATTGTTA	8520
	ATTTAGAGCG TCATGTTAAT AATATTAAAA AATTCGGTGT AGAACCGGTT GTTGCAATTA	8580
5	ATGCATTTAT ACATGATACC GATGCAGAAG TAGAATATGT AAAATCTTGG GCTAAAGAAA	8640
	ATAACGTACG AATTGCCTTA ACTGAAGTTT GGGAAAAAGG TGGTAAAGGT GGC GTT GACT	8700
10	TAGCAAATGA AGTATTAGAA GTCATTGATC AACCTAATTC ATTTAAACCT TTATATGAAT	8760
	TAGAATTACC ATTAGAGCAA AAGATTGAAA AGATTGTGAC TGAAATCTAT GGCGGTTCAA	8820
	AAGTAACGTT TAGCAGTAAA GCGCAAAAAC AATTAAAACA ATTTAAAGAA AATGGTTGGG	8880
15	ATAATTACCC AGTATGTATG GCGAAAACAC AATATTCAAT CTCAGATGAT CAAACGTTGT	8940
	TAGGTGCACC ATCAGGATTT GAAATTACAA TTCGTGAATT AGAAGCGAAA ACAGGTGCAG	9000
	GATTTATCGT AGCGTTGACA GGTGCAATCA TGACTATGCC TGGTTTACCT AAAAAACCAG	9060
20	CAGCATTAAT CATGGATGTT ACTGATGATG GTCATGCAAT TGGGTTATTC TAATAAATCA	9120
	TGTCAATTGT TTAATAAAGA TAAGTAAATA GTTTAATAGA CCGGACTGTT GGAGATGCAT	9180
	TATTTAGCA GTTCGGTTTT TTGCTGTGCT AAAAATAGAT TCAATTTGGC GAATCTAACG	9240
25	ACAATGTTTG AAGGTGGTTA ATTAATGTAT ATGAAGATAA AAAGTGGGCT TGAAGAATAG	9300
	GAAAGCGATG CAATGAATAT TCCATATTAA AAAAAATTAA TAAATAGGT TGCAATATTT	9360
30	AAITGGGATG CGCTACAATT AACACTAATA ATTGATATTG ATAATTATTA TCAATTAAAT	9420
	ATAATCTTAT AGGAGTTGTT AACAACATGA ACAAACATCA CCCAAAATTA AGGTCTTTCT	9480
	ATTCTATTAG AAAATCAACT CTAGGCGTTG CATCGGTCAT TGTCAGTACA CTATTTTAA	9540
35	TTACTTCTCA ACATCAAGCA CAAGCAGCAG AAAATACAAA TACTTCAGAT AAAATCTCGG	9600
	AAAATCAAAA TAATAATGCA ACTACAACCT AGCCACCTAA GGATACAAAT CAAACACAAC	9660
	CTGCTACGCA ACCAGCAAAC ACTGCGAAAA ACTATCCTGC AGCGGATGAA TCACTTAAAG	9720
40	ATGCAATTAA AGATCCTGCA TTAGAAAATA AAGAACATGA TATAGGTCCA AGAGAACAAG	9780
	TCAATTTCCA GTTATTAGAT AAAACAATG AAACGCAGTA CTATCACTTT TTCAGCATCA	9840
	AAGATCCAGC AGATGTGTAT TACACTAAAA AGAAAGCAGA AGTTGAATTA GACATCAATA	9900
45	CTGCTTCAAC ATGGAAGAAG TTTGAAGTCT ATGAAAACAA TCAAAAATTG CCAGTGAGAC	9960
	TTGTATCATA TAGTCCTGTA CCAGAAGACC ATGCCTATAT TCGATTCCCA GTTTCAGATG	10020
	GCACACAAGA ATTGAAAATT GTTTCTTCGA CTCAAATTGA TGATGGAGAA GAAACAAATT	10080
50	ATGATTATAC TAAATTAGTA TTTGCTAAAC CTATTTATAA CGATCCTTCA CTTGTAAAT	10140
	CAGATACAAA TGATGCAGTA GTAACGAATG ATCAATCAAG TTCAGTCGCA AGTAATCAAA	10200

55

	AGGCAACGAC CAATATGAGT CAACCTGCAC AACCAAAATC GTCAACGAAT GCAGATCAAG	10320
	CGTCAAGCCA ACCAGCTCAT GAAACAAATT CTAATGGTAA TACTAACGAT AAAACGAATG	10380
5	AGTCAAGTAA TCAGTCGGAT GTTAATCAAC AGTATCCACC AGCAGATGAA TCACTACAAG	10440
	ATGCAATTAA AAACCCGGCT ATCATCGATA AaGAACATAC AGCTGATAAT TGGCGACCAA	10500
	TTGATTTTCA AATGAAAAAT GATAAAGGTG AAAGACAGTT CTATCATTAT GCTAGTACTG	10560
10	TTGAACCAGC AACTGTCATT TTTACAAAAA CAGGACCAAT AATTGAATTA GGTTTAAAGA	10620
	CAGCTTCAAC ATGGAAGAAA TTTGAAGTTT ATGAAGGTGA CAAAAAGTTA CCAGTCGAAT	10680
15	TAGTATCATA TGATTCTGAT AAAGATTATG CCTATATTCG TTTCCAGTA TCTAATGGTA	10740
	CGAGAGAAGT TAAAAATTGTG TCATCTATTG AATATGGTGA GAACATCCAT GAAGACTATG	10800
	ATTATACGCT AATGGTCTTT GCACAGCCTA TTACTAATAA CCCAGACGAC TATGTGGATG	10860
20	AAGAAACATA CAATTTACAA AAATTATTAG CTCCGTATCA CAAAGCTAAA ACGTTAGAAA	10920
	GACAAGTTTA TGAATTAGAA AAATTACAAG AGAAATTGCC AGAAAAATAT AAGGCGGAAT	10980
	ATAAAAAGAA ATTAGATCAA ACTAGAGTAG AGTTAGCTGA TCAAGTTAAA TCAGCAGTGA	11040
25	CGGAATTTGA AAATGTLACA CCTACAAATG ATCAATTAAC AGATTTACAA GAAGCGCATT	11100
	TTGTTGTTTT TGAAAGTGAA GAAATAGTG AGTCAGTTAT GGACGGCTTT GTTGAACATC	11160
	CATTCTATAC AGCAACTTTA AATGGTCAAA AATATGTAGT GATGAAAACA AAGGATGACA	11220
30	GTTACTGGAA AGATTTAATT GTAGAAGGTA AACGTGTCAC TACTGTTTCT AAAGATCCTA	11280
	AAAATAATTC TAGAACGCTG ATTTTCCCAT ATATACCTGA CAAAGCAGTT TACAATGCGA	11340
35	TTGTTAAAGT CGTTGTGGCA AACATTGGTT ATGAAGGTCA ATATCATGTC AGAATTATAA	11400
	ATCAGGATAT CAATACAAAA GATGATGATA CATCACAAAA TAACACGAGT GAACCGCTAA	11460
	ATGTACAAAC AGGACAAGAA CGTAAGGTTG CTGATACAGA TGTAGCTGAA AATAGCAGCA	11520
40	CTGCAACAAA TCCTAAAGAT GCGTCTGATA AAGCAGATGT GATAGAACCA GAGTCTGACG	11580
	TGGTTAAAGA TGCTGATAAT AATATTGATA AAGATGTGCA ACATGATGTT GATCATTTAT	11640
	CCGATATGTC GGATAATAAT CACTTCGATA AATATGATTT AAAAGAAATG GATACTCAAA	11700
45	TTGCCAAAGA TACTGATAGA AATGTGGATA AAGATGCCGA TAATAGCGTT GGTATGTCAT	11760
	CTAATGTCGA TACTGATAAA GACTCTAATA AAAATAAAGA CAAAGTCATA CAGCTGAATC	11820
	ATATTGCCGA TAAAAATAAT CATACTGGAA AAGCAGCAAA GCTTGACGTA GTGAAACAAA	11880
50	ATTATAATAA TACAGACAAA GTTACTGACA AAAAAACAAC TGAACATCTG CCGAGTGATA	11940
	TTCATAAAAC TGTAGATAAA ACAGTGAAAA CAAAAGAAAA AGCCGGCACA CCATCGAAAG	12000

CATGGTGGGG CTTATATGCG TTATTAGGTA TGTTAGCTTT ATTCATTCCT AAATTCAGAA 12120
 AAGAATCTAA ATAATTaCT AAATATAGCA TATGTATGAT TAACTTTGTA GAC 12173

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 311:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1316 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 311:

CAACATTAAT ATTGATATTA AATCTTCCTG GATAACGTGC TTGTTGAGT GATAAGTATG 60
 CACGCACTTG ACTTAACTCT TTATCTAAAG TAATCGTATG TTGCTTAGAG CCTTGTAAT 120
 TCGCTCTGAA AAAATAACTC AATTCTAATA GTAACCTCG TGCCTTTTCG CTATTTATTC 180
 TAACTAAAGC TGAGATCGTG TTAATTGAAT TGAAGAAAA ATGTGGACTC ACTTGTGCCT 240
 GTAATGACTT AATCTCAGCA TCTTTCAATA ACTTACTTTG CGTTTCGGCT TCACCAAGTT 300
 CAATTTGGCT ACTAAAAATA TTTGCCAATC CTTCTGCAAG TTGACGTTCC ACAAAGTTA 360
 AATCATTAGG GTTTGTAAAA TACATCTTCA ATGTACCGAC GATAGAACCA TGCATCTCAA 420
 GTGGTATCAC GATAGCTGCT CTAAGCGGGC AATTCGGATG ACTACAACCA ATCTCTTCTT 480
 TAGTATGAAC TTCTTTCAAC TTTCTGATT TCAATACATC TTTAGACAGA CTTGTTAATA 540
 TTTCATTGTG TGGTATGTGA TGATCACTAC CTGCACCTAC ATGCGATAAG ATTTCATTTT 600
 TGCTTGTAAT TGCTACGGCA GATACTTTCA TTAAATTTT AATAATCATC GCAATTTGCT 660
 GTGCCGATTC TCTATTCAAT CCTTCTTTAA AATACGGCAA TGTCTGGTTC ATCAATTGCA 720
 GTAQATCATG TGTTTGAACA GCCTTCATTG GCTCCTCTTG CTTTAATGTT GAAATGATAA 780
 TAGACATAAA AATCGCCGTA CCAACGCTAT TAACAATAAT CATTGGTAGT GCAATTAATG 840
 ATATGAGGTC AACCGCATAT GCTTTGTCGT GGGAAATGT TAAATGCTC AACATTTGAA 900
 TCATTTCCAT AACAATTCCA ATCATGGCAC TTTTCGCAAT ACTCGGTAA CGCTTGCGTC 960
 TTTGAGCTTG TAAGCCAAAA TAACCAGCAA TTATACCAAT AAATATAGAT GAGATAAGAT 1020
 AAACCTGTGC ATCCGCCCCA CCCATATACA CTCTGAAAAT ACCTGAAATA ACGCCAACAA 1080
 ATAGACCTAC AAAAGGGCCA CCAACTAATC CTGCGACACC TATCGTTAAT ACACGTGTGT 1140
 TAGCTAAAGA TACATCATCA TCTAAACGGA AGTACACACT TCCTGACAAA CTATGTTGAT 1200
 GATCGATGAC GATACCAGTT AAATTAGACA TTAAGGCAAA CAACTGAAA ATAATACATA 1260

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 312:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 7972 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 312:

	TATAAATATT ATTTTATTAT CGTTTATCGC TATTTGTGTT ACATAATCAA AACCATAAAT	60
15	TCTTACTCAT TCAGATTTAC CCAATATTTT TACTTTTATA ATGTAATGCG TTTTATCCAA	120
	GTTATTTTTT AAAAATAAAT ATTGAATTnG GGGCTGnTTT CATGTCATTA AGAGATGAAG	180
	CATTGGAAAT GCACAAACGT AATCAAGGTA AATTAGAAGT TAAACCAAAT GTAAAAGTTA	240
20	CTAATAAAGA GGAATTAAGT TTAGCATACT CACCTGGCGT TGCTGAACCG TGTAAAGATA	300
	TTTATGAAGA TAAAAGAAAA GTATATGATT ACACAATTAA AGGAAATACA GTTGCAGTTA	360
	TTACTGATGG AACAGCGGTA TTAGGTTTAG GTAACATTGG ACCTGAAGCA AGTATTCCTG	420
25	TAATGGAAGG TAAAGCAGTA TTATTCAAAA GCTTCGCTGG TATCAATGGG GTGCCTATTG	480
	CGTTAAATAC AACTGATACC GAAGAAaTCA TTAAAACAGT TAAGTTGTTA GAACCTAATT	540
	ATGGTGGTAT TAATTTAGAG GATATTTTCGG CACCACGTtG TTTTGAAATT GAAGAACGAT	600
30	TGAAAAAGA AACTAATATT CCGGTATTCC ATGACGATCA ACATGGTACA GCAATTGTAA	660
	CATTGGCAGG TTTGGTAAAT GCATTGAGAG TTGTTAACAA AGATATTGCT AAAATAAAAG	720
35	TTGTACTAAA TGGTGCTGGT GCAGCAGGAA TAGCCATTGT TAAATTACTA TACGCGTATG	780
	GTGTAAGAAA TATGGTTATG TGTGACTCAA GAGGCGCAAT TTTGAAGGA CGTTCATATG	840
	GTATGAATCC TACGAAAGAT GTTGTAGCAA AATGGACAAA TAAAGATAAG ATTGAAGGGT	900
40	CTTTAGAAGA AGTCGTAAAA GACGCAGATG TATTTATCGG GGTTCCTGTA GCTAATGCGC	960
	TGTCACAAGA TATGGTTAAG AGTATGGCAG ATAATCCAAT TATATTTGCA ATGGCTAATC	1020
	CAAATCCTGA AATAATACCT GATGATGCCA AAGCGGCAGG TGCACGAGTT GTTGGTACAG	1080
45	GACGTTGAGA CTATCCTAAC CAAATTAATA ATGTATTAGC TTTCCCTGGT ATTTTATAGAG	1140
	GTGCATTAGA GGTGAAGCT ACACATATAA ATGAAGAAAT GAAAAAGGCA GCTGTAGAAG	1200
	CGATTGCTGA TTAAATCGAT AGTTCTGAAT TAAATGAAGA CTACTGTATC CCAGGACCGT	1260
50	TTGATAAACG TGTAGCGCCA TCAGTTGCTC GTAATGTTGC TAAAGCGGCA ATGGAATCTG	1320
	GAGTAGCTAG GATTGAAGTT GATCCGCAAG ATGTGTATGA TAAACAATG AACTTACAG	1380

	ATTAAATGA TGAAATGAA AGTTTATGAT AAACATTCAA CAGTCAAACG AATATAAATC	1500
	AAATAAATTT AAACCCGTTT TTAAGTGGTC AAGTTCAGTT TAAGGCTCTA AATGGTTAGA	1560
5	ACAGAGGTTA TTTGGAGGTT TTCCTATGTT TAAAGATTTT TTTAATCGAA CAAAGAAAAA	1620
	GAAATATCTT ACAGTACAAG ACTCTAAAAA TAATGATGTG CCTGCAGGTA TTATGACTAA	1680
10	GTGTCCAAAG TGTAAGAAAA TTATGTACAC AAAAGAATTA GCTGAAAATT TAAATGTGTG	1740
	CTTTAATTGT GATCATCATA TTGCTTTAAC TGCGTATAAA CGTATAGAAG CAATTTCTGA	1800
	TGAAGGATCA TTTACAGAAT TCGATAAGGG AATGACCTCT GCGAATCCAT TAGATTTTCC	1860
15	AAGTTATTTA GAAAAAATTG AAAAGGACCA ACAAAGACA GGTCTTAAAG AAGCAGTTGT	1920
	GACTGGTACA GCACAAC TAG ATGGTATGAA ATTTGGCGTT GCTGTCATGG ATTCACGTTT	1980
	TAGAATGGGA AGTATGGGAT CGGTTATCGG TGAAAAGATA TGTCGCATCA TTGATTACTG	2040
20	CACTGAGAAC CGTTTACCAT TTATTCTTTT CTCTGCAAGT GGTGGTGCAC GTATGCAAGA	2100
	AGGTATTATT TCCTTGATGC AAATGGGTAA AACCAGTGTA TCTTTAAAC GTCATTCTGA	2160
	CGCTGGACTA TTATATATAT CATATTTAAC ACATCCAAC ACTGGTGGTG TATCTGCAAG	2220
25	TTTTGCATCA GTTGGTGATA TAAATTTAAG TGAGCCAAAA GCGTTGATAG GTTTTGCAGG	2280
	TCGTCGAGTT ATTGAACAGA CAATAAACGA AAAATTGCCA GATGATTTC AACTGCAGA	2340
30	ATTTTTATTA GAGCATGGAC AATTGGATAA AGTTGTACAT CGTAATGATA TGCGTCAAAC	2400
	ATTGTCTGAA ATTCTAAAAA TCCATCAAGA GGTGACTAAA TAATGTTAGA TTTTGAAAAA	2460
	CCACTTTTTG AAATTCGAAA TAAAATTGAA TCTTTAAAG AATCTCAAGA TAAAAATGAT	2520
35	GTGGATTTAC AAGAAGAAAT TGACATGCTT GAAGCGTCAT TGGAACGAGA AACTAAAAA	2580
	ATATATACAA ATCTAAACC ATGGGATCGT GTGCAAATTG CGCGTTTGCA AGAAAGACCT	2640
	ACGACCTAG ATTaTATTCC ATATATCTTT GATTCGTTTA TGGAACTACA TGGTGATCGT	2700
40	AATTTTAGAG ATGATCCAGC AATGATTGGT GGTATTGGCT TTTTAAATGG TCGTGCTGTT	2760
	ACAGTTaTTG GACAACAACG TGGAAAAGAT ACAAAGATA ATATTTATCG AAATTTTGGT	2820
	ATGGCGCATC CAGAAGGTTA TCGAAAAGCA TTACGTTTAA TGAAACAAGC TGAAAAATTC	2880
45	AATCGTCTTA TCTTTACATT TATAGATACA AAAGGTGCAT ATCCTGGTAA AGCTGCTGAA	2940
	GAACGTGGAC AAAGTGAATC TATCGCAACA AATTGATTG AGATGGCTTC ATTAAAAGTA	3000
50	CCAGTTATTG CGATTGTCAT TGGTGAAGGT GGCAGTGGAG GTGCTCTAGG TATTGGTATT	3060
	GCCAATAAAG TATTGATGTT AGAGAATAGT ACTTACTCTG TTATATCTCC TGAAGGTGCA	3120
	GCGGCATTAT TATGGAAAGA CAGTAATTTG GCTAAAATTG CAGCTGAAAC AATGAAAATT	3180

55

	GGTGACATA AAGATATTGA ACAGCAAGCT TTAGCTATTA AATCAGCGTT TGTTGCACAG	3300
	TTAGATTCAC TTGAGTCATT ATCACGTGAT GAAATTGCTA ATGATCGCTT TGAAAAATTC	3360
5	AGAAATATCG GTTCTTATAT AGAATAATCA ACTTGAGCAT TTTTATGTTA AATCGATACT	3420
	GGGTTTTACC ATAAATTGAA GTACATTAAA ACAATAATTT AATATTTAGA TACTGAATTT	3480
	TAACTAAGAT TAGTAGTCAA AATTGTGGCT ACTAATCTTT TTTTAATTAA GTTAAAATAA	3540
10	AATTCAATAT TTA AACGTT TACATCAATT CAATACATTA GTTTTGATGG AATGACATAT	3600
	CAATTTGTGG TAATTTAGAG TTAAAGATAA ATCAGTTATA GAAAGGTATG TCGTCATGAA	3660
15	GAA AATTGCA GTTTTAACTA GTGGTGGAGA TTCACCTGGA ATGAATGCTG CCGTAAGAGC	3720
	AGTTGTTTCGT ACAGCAATTT ACAATGAAAT TGAAGTTTAT GGTGTGTATC ATGGTTACCA	3780
	AGGATTGTTA AATGATGATA TTCATAAACT TGAATTAGGA TCAGTTGGGG ATACGATTCA	3840
20	GCGTGGAGGT ACATTCTTGT ATT CAGCAAG ATGTCCAGAG TTTAAGGAGC AAGAAGTACG	3900
	TAAAGTTGCA ATCGAAA ACT TACGTAAAAG AGGGATTGAG GGCCTTG TAG TTATTGGTGG	3960
	TGACGGTAGT TATCGCGGTG CACAACGCAT CAGTGAGGAA TGTAAGAAA TTCAA ACTAT	4020
25	CGGTATTCCT GGTACGATTG ACAATGATAT CAATGGTACT GATTTTACAA TTGGATTGTA	4080
	CACAGCATT AATACGATTA TTGGCTTAGT CGACAAAATT AGAGATACTG CGTCAAGTCA	4140
	CGCACGAACA TTTATCATTG AAGCAATGGG CCGTGATTGT GGAGATCTAG CATTATGGGC	4200
30	TGGATTATCA GTTGGTGCTG AGACAATTGT AGTCCAGAA GTGAAAACAG ATATTAAAGA	4260
	AATAGCTGAT AAAATTGAAC AAGGTATTAA ACGTGGTAAG AAACACTCAA TCGTCTTGT	4320
35	AGCAGAAGGT TGTATGACTG CGCAAGATTG TCAAAAAGAA TTATCACAAT ACATCAATGT	4380
	TGATAATAGA GTGTCTGTGT TAGGTCACGT TCAACGTGGT GGTAGCCCAA CAGGTGCGGA	4440
	TAGATTTTGA GCATCACGTT TAGGTGGATA TGCGGTAGAC TTATTAATGC aAGGTGAAAC	4500
40	AGCTAAGGGT GTTGAATTA AGAACAATAA AATTGTAGCA ACATCTTTTG ATGAAATTTT	4560
	TGATGGTAAA GATCATAAAT TTGATTATAG TCTATATGAA CTTGCTAACA AGTTATCTAT	4620
	ATAAGATTTT AGGAGGAATT ATAAAATGAG AAAA ACTAAA ATTGTATGTA CAATTGGACC	4680
45	AGCTTCAGAA TCAGAAGAAA TGATTGAGAA ATTAATCAAT GCTGGTATGA ACGTTGCACG	4740
	ATTA AACTTT TCACATGGTA GTCATGAAGA GCATAAAGGT AGAATTGATA CAATTCGTAA	4800
	AGTAGCTAAA AGATTAGACA AAATTGcAGC AATTTTATTA GATACAAAAG GTCCAGAAAT	4860
50	TCGTACGCAT AATATGAAAG ACGGTATCAT TGA ACTTGAA CGTGGCAACG AAGTTATTGT	4920
	TAGCATGAAT GAAGTTGAAG GAACACCTGA AAAGTTCTCA GTAACATATG aAAACTTAAT	4980
55		

	TAAAGATATT GACCATGCTA AAAAAGAAGT TAAATGTGAT ATTTTAAACT CTGGTGAGCT	5100
	TAAAAACAAA AAAGGTGTTA ACTTACCTGG CGTAAGAGTA AGTTTACCTG GTATTACAGA	5160
5	AAAAGATGCT GAAGATATCC GTTTCGGTAT TAAAGAAAAT GTTGACTTCA TTGCAGCAAG	5220
	TTTCGTACGT CGTCCTAGTG ATGTTTTAGA AATTCGTGAA ATTTTAGAAG AACAAAAAGC	5280
	TAACATTTCA GTATTCCCTA AAATTGAAAA CCAAGAAGGT ATTGATAATA TTGCGGAAAT	5340
10	TCTTGAAGTG TCTGATGGTT TAATGGTTGC ACGTGGTGAC ATGGGTGTTG AAATTCCACC	5400
	TGAAAAAGTA CCAATGGTTC AAAAAGATTT AATCAGACAA TGTAACAAAT TAGGTAAACC	5460
15	AGTTATTACA GCTACACAAA TGTTAGATTC TATGCAACGT AACCCACGTG CTACACGTGC	5520
	AGAAGCTAGT GACGTTGCCA ACGCAATCTA TGATGGTACA GATGCAGTAA TGTTATCTGG	5580
	TGAAACTGCT GCTGGTTTAT ATCCTGAAGA AGCTGTTAAA ACAATGAGAA ATATTGCTGT	5640
20	ATCAGCTGAA GCAGCCCAAG ATTACAAAAA GTTATTGTCA GATCGTACTA AATTAGTTGA	5700
	AACTTCATTA GTGAATGCTA TCGGTATTTT GGTTCACAT ACAGCTTTAA ACTTAAATGT	5760
	TAAAGCAATT GTAGCTGCTA CTGAAAGTGG TTCAACGGCA CGTACTATCT CCAATATCG	5820
25	TCCACATTCA GACATTATTG CGGTGACTCC AACTGAAGAA ACTGCACGTC AATGTTCAAT	5880
	TGTTTGGGGA GTTCAACCTG TAGTTAAAAA AGGACGTAAG AGTACAGATG CATGTGTTAA	5940
	CAATGCAGTT GCAACAGCTG TTGAACTGG TAGAGTATCT AATGGTGATT TAATCATTAT	6000
30	TACTGCTGGT GTACCAACTG GTGAACTGG AACTACTAAT ATGATGAAAA TCCACCTAGT	6060
	TGGTGACGAA ATTGCTAATG GTCAAGGTAT TGGACGTGGA TCAGTTGTTG GTACTACGTT	6120
35	AGTTGCTGAA ACTGTTAAAG ATTTAGAAGG TAAAGATTTA TCTGACAAAG TTATCGTTAC	6180
	TAACTCAATC GATGAAACGT TTGTACCTTA TGTAGAAAAA GCTTTAGGCT TAATTACAGA	6240
	AGAAATGGT ATTACATCAC CAAGTGCAAT TGTTGGTTTA GAAAAAGGTA TTCCAACAGT	6300
40	TGTAGGTGTA GAAAAAGCTG TTAAAAACAT AAGCAATAAC ATGTTAGTTA CGATTGATGC	6360
	TGCTCAAGGT AAAATCTTTG AAGGATATGC AAACGTACTA TAATTTATAA AAAACGTCT	6420
	TTCCATTTAT CAACAATGGA AAGGCGTTTT TTGGTTcATC TGGTATTTTA TGACGTAATT	6480
45	AATAGGTTAT TTGATAATGA TAGTGTATGA ATGGCAATCT ATATAAATGT TTATATCTTT	6540
	TATACATGTA CATTATCACC TTCAAACTTT CACTCATATT ACTTTGGAAA TTTATTATAA	6600
	AATAGAAGTA TGGATGTATT TCTGAAATGA TACATTATTA AATAGATGAG AAAGTAAAAG	6660
50	TTTTGAGCCA AGTACGCAAT TTAATATTAT AAGTTGCATA TAAACAGGA TGGGACATAA	6720
	ATCCCTAAAA AAACAGCAGT AAGATAATTT TCAATTAGAA AATATCTTAC TGCTGTTCTC	6780

55

5
 10
 15
 20
 25
 30
 35

tCTTCGACTG GCACTGCTCC CTCAGGAGTC TCGCCATTAA TACTACGTAT TAACATGTAA 6900
 TTTTACTTTT ACATACTTTA AAAAAATAAA ACACTTTGCC CAACTTGACAC ATAAATGTAA 6960
 AATTCAATAA AATGAATTTT CTGTGTGGG TCCCTTCGTA TAATTTAATA AATACCACTA 7020
 AACTAAATTA ACGAGGTGCC TTATGTATAA AATTTATAAC ATGACCCAAC TTCACTACC 7080
 AATAGAAACC TCTGTTAGAA TTCCTCAAAA TGATATTTTCG CGATATGTTA ATGAAATTGT 7140
 TGAAACGATA CCTGATAGCG AATTCGATGA ATTCAGACAT CATCGTGGCG CAACATCCTA 7200
 TCATCCAAAA ATGATGTAA AAATCATCTT ATATGCATAT ACTCAATCTG TATTTTCTGG 7260
 TCGTAGAATA GA- AAATTAC TTCATGACAG TATTCGAATG ATGTGGTTAG CTCAAGATCA 7320
 AACACCTTCT TATAAACTA TTAATCGTTT TAGAGTGAAT CCTAATACTG ATGCGTTAAT 7380
 TGAATCTTTA TTTATTCAGT TCCATAGTCA ATGTTTAAAG CAAAATCTTA TTGATAATAA 7440
 TTCAATTTTT ATTGATGGTA CAAAAGTAGA AGCTAATGCC AATAGATATA CATTGTGTG 7500
 GAAGAAAAGT ATTCAAAATC ACGAATCGAA ATTGAACGAA AATTCAAAA CATTATATCG 7560
 TGACTTAGTT GAAGAAAAAA TAATACCAGA GATAAAGAA GATGGAGATA GCGATTTAAC 7620
 AATAGAAGAA ATAGATTAA TTGGTAGTCA TTTAGATAAA GAAATCGAAG ATTTAAATCA 7680
 TTCTATTGAG AACGAAGATT GTGCTCAAAT TAGAAAACAG ACCCGTAAAA AAATAACTGA 7740
 GATTAAGAAG TTCAAAAAGA AATTTGATGA TTATTCCGAA AGAAAAATA AATATGAAGA 7800
 ACAAAAATCG ATTCTTAAAG ATAGAAATAG TTTTCTAAA ACTGATCTGA TCATGATGCA 7860
 ACTTTTATGA GAATGAAGGA AGACCATATG AAAAATGGCC AACTTAAGCC AGGATACAAT 7920
 TTACAAATAG CGACAAATTC TCAAAAATGT TTTATCCTAT GACCTATTTC AA 7972

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 313:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3175 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 313:

ATTTTTTAGT TAATTGTCTT TCTTAAATA ATTTTAGCTT TCATTAAATT AAACAATTTT 60
 ACAAGCTTGG AACACCAATC AAAATCCTAA GTTCTAAAAT GCAATATTAG TAGTCGTTGA 120
 CTGAATGAAC ATATGCTTAT AATATTTTTT TGCAATGCTA GTCAAGTTGA TTTATGCTCA 180
 CAAGGATATG CGATTATAT TTTCTTACAA CAATGAAAT GCCTGATACA ATGCGATCCT 240

	AATTAAATTA TTGTTGTTTT AACCATGTA CTATCGTCGG AATCATAAAT CCTGTTGGCC	360
	CTTTTGGACC ATTATATGAA GCTTTATTAG TCGTTGCTGG ACCTGCAATA TCGAAATGAA	420
5	TGTGAGGTGT TTGACCACTA AAATGTGTTA CAAAAGTTGC CGCAAATAGC GCTTTACCTT	480
	GTCCATTCGT ATGGTTAACT AAATCAGCGA TATCACTGTG TTTAATACTT GCACGTTCCG	540
	TTGCAGTAAT CGGTAATTCA AATACCATTT CATCGACTTC AGAACTTATT TGTAATATAT	600
10	CGTTTAATAT CACTTTACTA TTCGATTCAA ATGCAGCAGC TTTATCATCG CCTAGTGCAa	660
	CAATTGCTGC ACCCGTTAAT GTAGCAAAGT CCATAATCAC ACTAGGCTGA TATTGATTTG	720
15	CATAAAACAC AGCATCTGCA AGGACTAATC TACCTTCAGC GTCTGTATTc ATTACTTCTA	780
	CAGTTTCACC ACTTAATGCT GTAAATACAT CATCTGGcTT CATTGATGCT TCATTTATCA	840
	TATTTTCAGC ACACGCAAGC ACTCCGACAA TATTTACAGG CAGTTGTAAA CGAcTAGCCG	900
20	CTTCAATGAT ACCAACGACA TTCGCAGCGC CACACATGTC AAACCTTCATT GTAGCCATGC	960
	CATTCTTCGT TTTAATACTA TAACCACCAG AATCATACGT TATACCTTTA CCAACTAAGG	1020
	CAATTGGTGC TTCATCTTTG TCTTTGCCAT TATATGTGAT GGTTACTAAc CTCGGTTTAT	1080
25	GCTTACTACC TTTACCTACT GCTTGTAAAA GTCCGAATCC TTCAGAACT AAAGTGTcAT	1140
	AATCTTTAAC ATCTACTTTG ACCTTTGTAT TTTTAAATG ATTAACAATA TCTTCTGcAA	1200
	ATGTTTGTGG TGcTAATACA TTCGGTGGcA TATTACTAAA GTCTCyTGcC AAATTAATGG	1260
30	aTTGGcCAAT ACTGATACCC TCATGAATAA AATCTAATTC AATTAATGAT TCACTAATAA	1320
	GGkTTAAATT CGTCTTAAAC GGtGCCTTCT kACTTgrTTT ATAATGATCG aATyCATATG	1380
35	kTGcACGCTC ACTTTGGAAT ACCGCATGCC ATTAATACAT CTGgATAACT GgATCcATAT	1440
	TTTGgAnATA AATGaATCCa TAAGTAAATA CGTATCTTca ATGTGTTCTG ACTTTATGTA	1500
	TTGGAaAAGA TGTCCCCaTA TTTTCAACAT ATCTTGATAA cACGTGTCTT TAAGTTTCCT	1560
40	AAACCAACTG TAATTAAACG ATATGTTTGA TCTTGACAT CAAATGCAGT TGTATAAATC	1620
	TTCCCAACTT TACTACCAAT AATATGTTGA TGTTTTAGTC TTTCAAGTGA TTCTGTAATA	1680
	TCGATATGAT TAAAACTAAT GCGCTCTAAC TGATTTAAAT GTTCTGGTAT ACCAATAATC	1740
45	AATGTATTTA TTTCGTTGCT TAGTGTGTTA TTTAATTTAA AATTCATAAT GTACCTCCTT	1800
	AGATTTGATA TGTTACTCAC TTCAAATTGT ACAACAATAA AGCCCTcAGT GACACTGAAG	1860
	GACTTTATAA ATGAATAATT TAATTTTATG TGTTTAGCTG AAACCTTTATT TAAAGCCTAG	1920
50	AATTTACCTT TTTTGAATGC TAAACCGATA CCACCGATTT TGAATACCGC ACGTGTATCA	1980
	ATCACTTTTT TCATGAATGC TGCTTTTTTA CCAGCGATAG GTTTACCAAA TACCATACCT	2040
55		

GTTGATTCAC CGTTTAAGAT GCGTTTAATG TTTTATAGCAA CACTTTCACC TTGTTGCATT 2160
 GCAATTTGTG CTGTAGTTGG TAATGGACGT TCTTCTCCAG CTGGGATAAA CGCTGAACAG 2220
 5 TCACCAATAA CAAAAATGTT GTCGTAACCA TTGATTGTTA AATCTTGCTT TGTAACGATA 2280
 CGTCCACGTT TAACGCCTTC AAATGATTCT TCCATTAATT TACTACCAGG TACACCAGCT 2340
 GCCCATACTG AAGTACCTGC ATTTAATTGT TGTTTTTCAC CATCTACTTC AACTACAAAA 2400
 10 CCTTTTTTCGT TACAAGCAAC GATTGGTGTA GCAATTTTAA ATTCAACACC GCGGTCTTCT 2460
 AAGTAGCTAA CTGCGTGGTT AACTAATTCT TCTGAGAACA TTGGTAACAT TTTAGGTGCT 2520
 GCTTCAACAC AAGTGATTTT AACTTTATTT TGATCCACAC CATATTGCT ACATAATTCA 2580
 15 GGAATTCTGT CTGTTAATTC ACCTAAGAAT TCAACACCAG TGAATCCAGC ACCACCAACT 2640
 AAGATAGATA AATCGTTATC ATCTTTTTCT TTTGATGCTG CATAGTTAGC AAATTTGTCT 2700
 20 TCGATATGAC GTGATAATTC ACGTGCTGTG ATAACATTTT CAATTTGGAA AGCATGATCT 2760
 TTCATACCTT CGATGCCGAA TGTTTCACTA ACGAAACCTA ATGCTACTAC TAAAATATCA 2820
 AAGTCATAAA TACCTTGATT TGTTTCTACC TTTTATAGCAT CACGGTCAAT TTTTGTACT 2880
 25 TCTGCtGAA CAAAGTTCAC TTTGTCTTTC TTCAAGACAC TTTCCACAGG ATATAATACA 2940
 TCTTCATAGT TTAGTGTAAC TGCTGATGCT TCATGTAACC ATGTTGCTTC ATAGTGATAT 3000
 TCATTTTAT TAATAAGCGT AATTTCTGCT TCTTCTGTTG ATATCGCTTT TTGCAATTTA 3060
 30 GTTACAGTTT GTAAACCTGC ATAACCAGCA CCAAGTACAA GTACTTTTTT ACGATCTTGA 3120
 GCCATTTAAT TnCACCTAAG CnTTCATATT TTTTAAACCA AATGCTGATA ATTAC 3175

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 314:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 702 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 40 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 314:

45 CATCATTATT AAAGATTTTC AATCAATACA gAATCACAAT ACGTACGCAT TGTGCACGAT 60
 AAAAATACAG ATGTGTATAT TAACTATGAA CTACAAGAGC AACTAACGAA CAAAGCTTAC 120
 ATTGGTGATC ATATTTATGT TGAAGGGATA TGGCTCGAAG TACAAGCTGA TGGTTTAAAT 180
 50 GTATTGAGTC AGAATACAGT GGCATCGTCA TTAATTCGCT TAACACAAGA GATGCCACAT 240
 GCACAGGCAG ATGATTACAA TACGTACCAT CGTTCGCCAA GGATTATTCA CCGTGAACCG 300

TGGCGTTCCA TTATACCGCC ATTAGTAATG ATTGCTTTAA CTGTTGTCAT CTTTTTAGTG 420
 AGACCAATG GTATTTATAT TTTAATGATG ATTGGTATGA GTACAGTAAC GATAGTATTT 480
 5 GGTATTACAA CGTATTTCTC TGAAAAGAAA AAGTATAACA AAGATGTTGA AAAACGAGAG 540
 AAAGATTACA AAGCTTATTT GGATAATAAA TCTAAAGAAA TTAATAAAGC GATTAAAGCA 600
 CAACGTTTGA GTTTGAATTA CCATTATCCA ACGGCTGCTG AAATTAAAGA TATCGTTGAA 660
 10 ACGAAAGCAC CAAGAATATA TGAATAAACC ATCGGCATCA TC 702

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 315:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4121 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 315:

TATGTTCCGA CAACGAAACA AAGTGTAATT ACAAGAGCAA AGATAACTTT GAATGTTTGT 60
 25 AAACGTCCAT CTTTACCTTC AGTTAAATGC ATGAACATTA ATAATTGAAG TCCTGCTTGG 120
 ACGAATGCAA AGCCAAAGAT AATTGTCAAC TTCGCGTGGA ATGTTAATGA CGTGTATAGT 180
 GTTACGTAAA CTGCTAAAAG CGTTAATACG ATAGATGCGA TAAATCCTAC AGTATGTTTC 240
 30 ATTATTGTAC TCATCCGCTA TACACCATCC CTATCATATA TACGGCAGTA AAGATGAAAA 300
 CCCAAACAAC ATCTAAGAAG TGCCAGTATA AACTTACTAT AAATAATTTT GGCGCATTAT 360
 35 ATTTGTCTAA TCCGCGTCGT TGGATTTGGA TTAATAAACA AATGGCCCAA ACGATACCTA 420
 GCGATACGTG ACAACCATGC GTTCCTAATA GGATAAGAA ACTAGACCAG TAAGAACCAA 480
 TTGTTGGGTT AACGCCTTCT GATGCATAGT GTGCGAATTC ATAAATTTTCG AATCCAACAA 540
 40 AGACTAAACC TAAAAGTAAC GTAATGATCA TCCAAAACAT CATTAACTTT TGTTTTTCTT 600
 GGCGCATGTA GTAAATAGCA ATACCACATG TGTAAGAACT GAATAATAAT GCAAACGTCA 660
 TTATTA AAC AAGAGGCAAT TCAAATAACT CAGTAGTCAT TTTACCTGCA TAATCGCCAC 720
 45 CATGTTGCAA AGTTAATAGT GTCGCAAATA GGGTACCGAA TAACGCAAAT TCGGCTGTAA 780
 TGAAAATCCA AAAGCCAAGC TTATTTAATT CGCCTTCATG TGTGCGTGAA TCAATAGTGT 840
 TTGTATCATG ACTCATGACT TACAGCCTCC CTTTCTTTAA TACGCGCTTC TCTTAATCTA 900
 50 GCTTCAGTTT CTGCAACTTC AGCAGCAGGG ATATGATATC CGTGATCGAT TTGGAAACTG 960
 CGATAAATCA TAGTACCAAA AATACCGAAT AAACAAATTA ATGCTGGAAT TACAGTTTCG 1020

	TTGTTTGGCA TATGAATGTC TTTGTAATTA TGGTTGTCTA AGTAATGACG ACCATGTTCT	1140
	TTCATATCAA CAAATGTGTC GTAGTCATTC CAATCTGGTG TAATGGCAAA GTTGTATTTA	1200
5	GGTGAATTG CTGATGCAGT AGTCCACTCT AGAGTACGAC CAAGGCCATC CCAGTTATCT	1260
	CCAGTTGCTT CACGTGGAGA TTTGAAGTGA CTGTATACGA TACTAACAAC AAGGAATAAG	1320
10	AATCCGATTG CCATTAATAA TGCACCGATA GTTGAAATTA AGTTTAATAA GAACCAACCA	1380
	TCTGATGGCA TATAAGTGTA TAAACGACGT GGCATACCAT CTAATCCAAG AATGAATTGT	1440
	GGTAAGAAAC AAACGTTAAA TCCGATCATG AAGAACCAGA AGCACCATTG GTTTAATGTT	1500
15	TCGTTTAATT TGTAACCCAT CATCTTTGGA TACCAGAAGA TTAAACCAGC TAAGCAGGCA	1560
	AATACAACAC CAGTAACCAA TGTATAGTGG AAGTGAGCTA CTAAGAAGTA CGTATTGTGA	1620
	TATTGATAGT CAGCTGATGC CATTGCTAAC ATTACACCCG TAACACCACC TAAAAGGAAG	1680
20	TTAGGGATAA ATGCTAATGA GAATAGCATT GGTGACTCAA ATGTAATACG TCCTTTATAT	1740
	AATGTTAATA ACCAGTTAAA CAATTTTACA CCAGTTGGAA TACCAATCAG CATTGTTGAA	1800
	ATTGAGAAGA ATGAGTTGAT TAACGCACCA TTACCCATTG TGAAGAAATG GTGAACCCAA	1860
25	ACTAAGAAAC TAAGGAACGC GATACCGGCA GTTGCCCATA CCATACTTTG ATGTCCGAAT	1920
	AAACGCTTAC GAGCGAATGT CGGGATAATT TCTGAGTAAA TACCAAATGC TGAAGGATA	1980
	ACGATATAAA CTTCAGGGTG CCCCCATACC CAGAAGAAGT TAGCCCAAAG CATTGGCATA	2040
30	CCGCCATGTG CAACTGTGAA GAATGCTGTG TCAAATATTC TATCAGTTGT CATTAATGCT	2100
	AACGCTACTG TTAAAGGAGG GAAAGCAAGA ATAACAATTA ATGTAGTAAT AAATGTTGTT	2160
35	ACTGTAAACA TTGGCATTG CATAAACTTC ATAGTTGGTG TTTTACATCT TAAAATTGTT	2220
	ACAAAGAAGT TGATACCTGT AGCTAAGGTA CCAAGCCCTG AAATTTGTAT AGCTATTAAG	2280
	TAATAGTTAA CACCCGGACC AGGACTGAAT TCACCTGCTA GTGGCGCATA GTTTGTCCAA	2340
40	CCAGCTGCTG GTGAACCACC AATAATAAAT GACAGGTTGA ATAAAATCAT ACCTGCAAAG	2400
	AATAGCCAGA AACTTACGTT GTTTAATACT GGAATGCAA CATCACGTGC TCCAATTTGT	2460
	AATGGAACAA CGATATTCCA TAAACCAAAG ATAAATGGCA TTGCCATGAA GATAATCATG	2520
45	ATTACACCAT GTGTACTAAA AATTTCTGTTA TAGTGGTTAG ATTCTAAAAA TTTGTTATCA	2580
	GGTACTGTTA ATTGCGCAGC AATAAGTAAC GCATCAATAC CACCACGGAC GAACATTAAT	2640
	ACGGCACAGA TTAAATACAT AATACCGATT TTCTTATGGT CTACAGATGT GAACATTCT	2700
50	TTGTAAAGAT ATTTCCATAA TTAAAGTAA GTAATTACTG CGATTAAACC AATAACTAAG	2760
	AATGGGGCAC CAATTTGTGC CATTGTAATC ATCAGTTAC CTTTAACTAG TAATTGATCC	2820

55

TTGAAATTTT CTTCAATTTCT TTCGCATTTT TCGATTCATC TTTCTTGAAC TCATTGTTAT 2940
 ATGGTTCGTC ATTTCCAAGA ATCATCAACT TCATACCATG TCGTTTATAG TTCGCATTTG 3000
 5 TAATTTGAGC TTTACGAGCA GGTATTAATG GTTTGTCTGA TACATCTTTA AACATATTTT 3060
 CTTCACTAGT GAAGTTTGA TCTTTCAATT CGAAATTGAA ACGTTTATAT GCATAGAAGA 3120
 TGTATTCTGG ATCGGCTGCT GGATCAACAA ACGCCATATG TGTACCATTA AATTCTAAAG 3180
 10 CTTTATTAGG TGTGCTTGGT AATAATTGTT TATCAAATGT ATCTTGATCT AACGTTTTCT 3240
 TACCTTTAAC TTCTTTCACC CATTGTGCGT AGTCTTTTTG ACTAACGGCA TTTACTTTAA 3300
 ATGTTTGACG TGAGAATCCT TCACCATGA AGTTAGAGTT ACGACCTCTG AACGTACCAG 3360
 15 TTTGAGATGC TTCTAACGTC CAATTCATTG TCATGCCAGT CATGGCATAT TTTGACCAC 3420
 CTAATTGTGG AATCCAGAAA CTTGTCATTG TATCCATAGC TTGAAGCTTA AATACAACAG 3480
 GACGATCTTT AGGGATTGTT AATGTATTAA CAGTCTCTAT ATGTTTATCT GGATAAGCAA 3540
 20 AGAACCATTG GTATCCTGCA CTTACTGCAT ATACAACCAT TGGATCTTTC TCACTCTTCG 3600
 GTGGTTTTTC GTAATCGTAT AAAGTTTAA CTGTAGGAAT AGCTAAAGCA GCAACGATTA 3660
 25 TGATAGGTAT TACAAACCAT ATTGTTTCAA TGATGGCATT ATGGTGCATC TTACCAGATT 3720
 CGGCATTCTT ATTATAACTA TACTTGTAAT TAAAAATGGC GAACATGCCA AGTACAACGA 3780
 AACAAATAAC AAGCATGAAG ACGATTGAAT AAAGAATCAA GAACTTCTGA CTACTTGCTA 3840
 30 CTGGCCCTTT TGC GTTGAAA ATTTCTATAT TTGAACAACC ACTAAGTAAA ATTAGTGTGC 3900
 CAAATAATAG AAGCAAAGAC TTAAATTTTG ACACTTTTTT GACCTCCTAA TACTACAAAT 3960
 GTAGGGCTTA ACATTAATTT TAAGTTATTA CACAATATTT ACAAGGGCTT ATGGGAAAAA 4020
 35 AATTAATAAA ATTGTATCAA AAATGTTGAT AAATCAAGGT GTGACGTGGG TTCACACATT 4080
 TGTAAAAATT ATGTGTACAT TTTGTGACTA ATAGCGTTTT T 4121

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 316:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 9310 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 316:

50 CGAGTGAGTA CAAACATATT TTTATTTGCA AGGGGTAAAT GGCATATAAC TATCTTTTTT 60
 ATGTAAGCTG GTATAAAATT TATACTAATA GGAGGGATAG TATGAATATA GTAGGGCATC 120

EP 0 786 519 A2

	TTGGATTACG ATTAGTTGAA AAGTCGGTTA ATCAAGACAA TCCTTCAATG TATCATTGT	240
	TTTATGGGA CGAAgTAGGT ACAGCCGGAA CAATTTTAAG CTTTTTTGAA ATTCCCAATG	300
5	CGGGTCATAA GCAGCCAGGT ACTGAAACGA TTTATCGATT TTCATTATTA GTACCAAATC	360
	AAGCGGCACT TCATTATTTT GAAAAACGTC TTGAGAATAA TGGTATTAAG TCTGAACGTT	420
	TGTACTATCT TGGACAAGAA GGTGTTGTCT TTAAAGATGA AGACGACTTA GAAATCATAT	480
10	TGCTTGTTAA TGATAGTTTT GAAGTACCAC ATCAATGGCA ACATAACGCT TATAGTGAAA	540
	TACCTCAAGC ATATCAAAT TTAGGAATAG GGCCAGTCGA ATTAAGAGTT AGAAATGCAG	600
	CGCGTACGGT AGAATTTTTG GAAAATGTCT TAGGTTATCG CAAAAGAGAT AATAAATCAT	660
15	TCGATGTGCT GACATTAGCA CCACAAGGTT TATATTCGGA TTTTGTAGTT ATTGAGCAAC	720
	AGGGACAACG TGAAAGACCT GGACGAGGTT ATATCCATCA TATTGCAGTT AATACACCAC	780
20	AAATGAGTGA CTTAGATGCA ATTTACAAGA AATTACAACA ACAACCACAA AGTAATTCAG	840
	GTATAATTGA TCGCTATTC TTTAAATCAT TATACTATCG CCATAATTCA ATTATGTATG	900
	AATTTGCGAC TGAAGCGCCT GGATTTACTA TTGATACACC TGTGAAACAA TTAGGAAGTC	960
25	AATTGAACTT GCCTGACTTT TTAGAAGCAG AACGTGAACA AATTGAAAGT AAGTTACAG	1020
	AAATATAAAG GAGAATGTTT AATGGCCAAA TTAGAAATGA ATAAAAATAC GCCTCTTGAG	1080
	TTTGGTTTGT ATTCCTTAGG TGATCATTTA TTGAATCCAT TGAAAGGTGA AAAAGTTAGT	1140
30	TATGAGCAAC GTATTAATGA AATTATTGAA GCAAGTAAAT TAGCAGATGA AGCAGGTATT	1200
	GATGTTTTTG CAGTTGGTGA AAGTCATCAG GAGCATTTTA CAACACAGGC ACATACGGTT	1260
	GTGTTAGGTG CAATTGCCCA AGCGACAAAG CATATTAAAG TTTCAAGTTC TTCAACGATT	1320
35	ATTAGTGCAC AGATCCTGTA AGAGTATTTG AAGACTTCGC GACATTAGAT TTGATTCTC	1380
	ATGGTAGAGC CGAAATTGTA GCTGGCAGAG CATCAAGAAC AGGTATTTTT GACTTGTTTG	1440
	GCTATGATTT AAAAGACTAT GATGAATTGT TTGAAGAAAA ATTAGGTTTA CTTTtagagt	1500
40	TAAATAAAAC TGAGCGTATT ACTTGGTCTG GAAAATATCG TCCAGAACTT AGAAATATGA	1560
	AAATATTCCC AAGACCAATC GATAATATAT TGCCAATATG GCGTGCTGTT GGTGGTCCAC	1620
45	CTGCAAGTGC TATTAAAGCG GGAAAACAAG GTGTGCCAAT GATGATTACA ACCCTTGGTG	1680
	GCCCAGCAAT GAACTTTAAA GGTTCTATAG ATGCTTATCG TCAAGCGGCA ACTGAAGCAG	1740
	GTTTCGATgc TTCGCCTAAG TCTTTACCAG TAAGTACAGC GAGTCTGTTT TATACAGCTG	1800
50	AAACAACCTCA GGATGCTATG AGAGAATTTT ATCCACATTT GAATACAGGG ATGTCATTTA	1860
	TTCGTGGTGT TGGTTATCCG AAACAGCAAT TTGCTAATTC GTCAGATTAT CGAGAAGCGC	1920

55

EP 0 786 519 A2

	GTCATCAACG TTTTATGGCA CAGCTTGATT TTGGCGGTGT GCCATTTGAA AATGTTATGA	2040
	AGAATATTGA GTTAATTGGC AACGACATTA TACCGGCGAT TAAAAAGCAT TTATCAAAAT	2100
5	AGGAGGGGCG TCATCATGAA TATTGTATTA TTGTCAGGTT CCACAGTAGG TTCTAAAACG	2160
	AGAATTGCTA TGGATGATTT AAAAAATGAA CTAGAAGTCA TCAATGAGGG ACATCAAATA	2220
	GAGTTGATGG ATTTACGAGA ACTTGAATTA GAATTTAGCG TTGGAAAGAA TTATCTAGAT	2280
10	ACTACAGGAG ATGTATATAA ATTAACGACG TCGTTAATGC AGGCTGATGT GATTTTTATT	2340
	GGTTTTCCAA TTTTCAAGC TTCCATCCCT GGTGCTTTGA AAAATGTGTT TGATCTACTT	2400
	CCAGTCAATG CGTTTCGTGA CAAGGTAATA GGACTTGTAG CGACAGCAGG TTCTAGTAAA	2460
15	CATTATTTAA TTCCTGAAAT GCATTTAAAA CCAATATTGA GTTACATGAA AGCACATACG	2520
	ATGCAAACGT ATGTATTTAT TGAAGAGAAA GATTTTTCAA ATCAACAAAT TGTCAATGAT	2580
	GATGTTGTAT TTCGGTTAAA AGCGTTGGCA CAATCCACAA TGCGAACTGC CAAAGTACAA	2640
20	CAACAAGTGT TTGAAGAAGA AAACAACCAA TACGACTTTT AAAGTATAAA AATAAGACGC	2700
	TCGGCACACT AAATTTGTAA GTGTTTGAGC GTCTTTTCAT ATTAAGTATA TAGCCAATGA	2760
	ACGACGATAA AGGCAAGTGA TGACAAGCAT ATTGAGGTAA TAATGATTGT CATAAGCGGT	2820
25	TTAAGTGCGC GATTTTTAAG ATCTTTAAAT GCAACATTTA ACCCTAAAGC AACCATGGCC	2880
	ATTAATAAGC AAATTGTTGA TACAGTATTT AAAATATTTA GCAATGCTGA CGGAATAGTT	2940
30	ACATATGTAT TCACTAAGGC CATAATGACA AATCCAATTA AAAAGTATGG AATGCTTATT	3000
	CGACCCTTGC TAGATGATTC TGATGAACGG AAACGCATAA TTAAAATAAG TACGATGGTT	3060
	AATGGAATCA GTAAGAATAC TCTACCAAGT TTACCAAGAA GTGCAATTTT AAGTGCATCA	3120
35	CTACCACCAA AGCCACCAGC TAAGACAACG TGTGCAATTT CATGAAGACT AACACCAGAC	3180
	CAAGCGCCAT AAACATTTGT CGTCATTGAA AAGATAGCGT AGATAGCTGT ATATATAAGT	3240
	GAAAATATCG TACCAATCAA TGCGATGATA CCGATACTAA TAGCTGTATC CTTTTCACGT	3300
40	GATTTGAATA TTGGAGCGAC TGCGGCAATA GCAGCAGCAC CACAAACGCC TGTGCCGACA	3360
	CCTAGTAATA ATGCGATGTT TTTGTCACCA TGCAACAGTT TGTGACAAA GAGCATCATT	3420
45	ACAATACTGA AAATAACGAC ACCTACATCG ATGGCTAATA GTTTACTACC TTGACCGATA	3480
	ATATCGAATA TATTGAGTTT AAGTCCATAT AGGATGATTG CAAATCTTAA TAAATATTTA	3540
	GATGAAAACG TAATACCTGA GCTATATTGT TCAGGATATC CTCTAAAGTG ACGATATAGA	3600
50	ATAGCGATTA ATATCGCGAT AGTTAATGCG CCAACCTTAT CTAGGATTGG CAATTTAGCT	3660
	GCTAAAAAGC TAAATAATGC GACTATAAAT GTTAGTGATA GCCCAATCAT AAAATGCTTA	3720

55

EP 0 786 519 A2

	ATTTTAAAT ATAAATTGG AATGAATAAT AAAGTAGTGA TTAAATTAAG TTGTGTGATA	3840
	GGAAACTTGG ACATCAATCA AAGTAATAGG CACTACAACG CTTATTGGCG GGGCCCCAAC	3900
5	AAAGAAGCTG ACGAAAAGTC agCTTGcAAT AATGTGCAAG TTGGGGATGG GCCCCAACAT	3960
	AGAGAAATTG GGTCCGTAAT TTCTACAGAC AATGCAAGTT GGCGGGGCCC CAACATAGAG	4020
	AATTTGAAA AGAAATTCTA CAAGCAATGC AAGTTGGGA AGGACAACAA ATTTAAGATA	4080
10	CAATGCGTAA CATTAAATATG TTATTATAAT GATAATTTAC AGAATTATAT GAAAAATGAA	4140
	TGAGGATGTG ATGGTATGTT TGGAATGAAA GTGAATGAAC AAATAACATT AAAAATTTTA	4200
	GAAGCTCATG ACACAGAAGC GCTTTTCAAT TTAGTCAATC GTTCAAGAAA TTCACTTAGG	4260
15	GAATGGTTAC CTTGGGTAGA TGCAACTGAG CAACCATCAG ATACGCGTGC ATTTATTAAA	4320
	AGAGGACTTT TGCAATTTGC TGATGGTAAT GGATTTCACT GTGGCATTG GTATGAAGGA	4380
20	ACGCTAGTTG GTGTCATCGG TTTACATGAA ATTAATCACA TGCACAGAAA AACTTCATTA	4440
	GGGTACTATT TAGATAAAGA ATTTGAGGGT CATGGGATTA TGACACAAGC AGTTGAGGCA	4500
	TTGATAAAGT ATTGTTTCGA AGAGCTTGAC TTAAACCGAA TTGAGATTAG TGCCGCAGTT	4560
25	AATAATGAAA AAAGCCGGGC TATTCCTGAA AGGCTGGGAT TTACTAGAGA AGGTATGTTA	4620
	CGTGACAATG AATTACTAAA TGGTATTTAT TCATCGAGTT ACATCTATAG TTTATTAAAA	4680
	TCAGAAATCG ACCAAAAATG ACAAATTAGA CTTACAAAAG AGTGATGACA TTTAAAATGG	4740
30	CAGCGCTCTT TTATTTAATT TTTGAAAATA AAAGGTTGTT GACAGTATTA TTTTATAACA	4800
	ATATAATGAT TTTGATAATT ATTATCAACT AGATGATGTT TATGGGAGGA TGCTTTAAAA	4860
	CAGCCGTTTT AAGTGTAATG TATTATTTTA GCGTGTAGGG AATGCGAAAA TAATATTTAT	4920
35	AAGAACACAT CTATGGGGAT AATAGAATTT CTATAATGAG GTGTCAAAAT GAAAAAGTTA	4980
	ACAACGCTAT TATTAGCATC AACGTTATTA ATTGCTGCAT GTGGGAACGA CGATAGTAAG	5040
40	AAGGATGATT CAAAGACATC GAAAAAAGAT GATGGTGTTA AAGCAGAATT AAAACAAGCA	5100
	ACAAAAGCAT ATGATAAATA TACTGATGAA CAGTTAAATG AATTTTTTAA AGGTACAGAA	5160
	AAATTTGTTA AAGCGATTGA AAATAATGAT ATGGCCCAAG CAAAAGCGTT ATATCCAAAA	5220
45	GTTGCTATGT ATTATGAACG CTCGAACCA GTTGCAAGAG CATTGGAGA TTTAGATCCT	5280
	AAAATTGATG CACGTCTTGC AGATATGAAA GAAGAGAAAA AGGAAAAAGA ATGGTCAGGA	5340
	TATCATAAGA TTGAAAAAGC ATTATACGAA GATAAGAAAA TTGATGATGT GACTAAAAAA	5400
50	GATGCACAAC AATTATTGAA AGATGCAAAA GAATTGCATG CCAAAGCTGA TACATTAGAT	5460
	ATCACACCAA AATTAATGTT ACAAGGTTCT GTTGACCTAT TAAATGAAGT TGCAACTTCT	5520
55		

	GTTGAAGGCG CACAAAAAAT TTATGACTTA TTAAACCTA TTTTAGAGAA AAAAGATAAA	5640
	AAATTAAGTG ATGATATCCA AATGAACTTC GATAAAGTGA ATCAATTATT GGATAAATAT	5700
5	AAAGATAACA ACGGCGGTGA TGAGTCATTT GAAAAAGTAT CGAAGAAAGA CCGTAAAGCA	5760
	TTTGCGGATG CTGTTAATGC ATTAGGAGAG CCACTAAGTA AAATGGCTGT GATTACTGAA	5820
	TGACAAATTA TGAACAAGTT AACGATAGTA CGCAATTTTC AAGACGTACA TTTTGGAAAA	5880
10	TGTTAGGTAT TGGCGGTGCC GGTGTTGCAA TTGGCGCAAG TGGTGTGGT AGCATGTGGT	5940
	CTTTCAAATC AATGTTCAAT ACACCAGAAG ATCCGGAAAA AGATGCGTAT GAATTTTATG	6000
	GTAAAGTGCA ACCAGGCATT ACCACACCCA CGCAAAAAAC ATGCAATTTC GTTGCCTTAG	6060
15	ATTGAAGTC AAAAGATAGA GATGCAATTA AGGCAATGTT TAAAAAGTGG ACGTTATGG	6120
	CTGATCGTAT GATGGATGGT GATACAGTTG GCAAGCCGAG TAACAATCCT TTAATGCCAC	6180
	CAGTAGATAC CGGTGAATCG ATAGGATTAG GTGCAAGCAA GTTAACGATT ACCTTTGGGA	6240
20	TTAGTAAGTC TTTGATGAAG AAAATTGGGT TATCTAGTAA AATTCCCGAT GCCTTTAAAG	6300
	ATTTACCGCA TTTTCCGAAT GATCAGTTAA TAGACGATTA CAGCGATGGT GATATTATGA	6360
25	TTCAAGCATG CTCAAATGAT TCGCAAGTAT CCTTTCATGC GGTTTATAAT TTAGTTCGTC	6420
	CATTTGAGA TATTGTTAAG GTACGTTGGG CGCAATCTGG TTTTATCTCT GCTAAAGGTA	6480
	AGGAAACACC TAGAAATTTA ATGGCATTTA AAGATGGAAC AATTAATCCT AGGAAGAATA	6540
30	ATCAACTTAA AGATTATGTG TTTATTGATG ACGGATGGGC GAAACATGGA ACTTATTGCC	6600
	TTGTCAGACG TATTCAAATA CACATTGAAA CGTGGGATCG TACTGCGCTG GAAGAACAAG	6660
	AGGCTACATT TGGTCGGAAA CGACATAGTG GTGCACCGTT AACAGGTGGG AAAGAGTTTG	6720
35	ATGAAATTGA CTTAAAAGCG AAAGATAGTC ATGGCGAGTA TATTATTGAT AAAGATGCCC	6780
	ATACGAGGCT AGCGAAAGAA GCAAATACGT CAATTTTACG TAGAGCCTTT AATTATGTGG	6840
	ATGGTACGGA TGACCGCACA GGTAACCTCG AAACAGGCTT ACTTTTTATT GCTTTTCAAA	6900
40	AAGCGACAAA ACAATTTATC GATATACAAA ATAATTTAGG TAGTAATGAT AAATTAAATG	6960
	AATATATTAC ACATAGAGGT TCTGCTTCAT TTTTAGTATT ACCAGGTGTT AGTAAGGGAG	7020
45	GATACCTTGG TGAAACATTA TTTGACTAAA TTTGTAGCAA TGCTAATAAC TGCTGCTATG	7080
	GTGTGTAGCT TTGGGTTACT GAAAAGTCAG GCAGCAGAAC AACAAAGTAT TAGTGATGTA	7140
	TATAGTGTGA TAACGGATGC GAAATCTGCA CTTTCTAATA ATTCGATATC GAATGACAAT	7200
50	AAGCAGAAAG CAATTGAGCA AGTGGTAAGT GCAGTTAAGA AATTATCGCT TGAAGATAAT	7260
	AGTGAAAGTA ATGCTGTCAA ATCAGATGTG AGAAAGCTTG AAGATGCAAA AGCGAATGAT	7320

55

EP 0 786 519 A2

	GCTAGTAAAG ATGCGGGTTC TAAAATTAAA CTATTGCAAC AGCAAGTCGA TGCTAAAGAT	7440
	GCTGCGATGA CAAAAGCGAT TAAAGATAAA AATAAAGCGG AATTAGAATC TTTGAACAA	7500
5	AGTTTGAATC AGATTGGAC AAGTAATGAA ACAGTGATTC GCAATTATGA CGCAAATCAA	7560
	TATGGACAAA TTGAAGTCGC ATTATTACAA CTTAGAATTG CAATTCATAA GTCACCATT	7620
	GATACGGCAA AAGTGTCACT TGCTTGGACA ACTTTTAAAT CAAATATTGA TCATGTCGAT	7680
10	AAAAAAGTA ATACGTCTGC AAATGATCAA TACCATGTAT CACAATTAAA TGATGCGTTA	7740
	GAGAAGGCGA TTAAAGCTAT CGACGACAAT CAATTGTCGG ATGCTGcaTg TCGCCTTACA	7800
	CATTTTATAG AAACCTGGCC GTATGTTGAA GGTCAAATTC AAATAAAGA CCGTGCTTTG	7860
15	TATACGAAAA TTGAAGATAA AATACCATAT TATCAAAGTG TATTAGACGA ACATAATAAA	7920
	GCACATGTGA AAGATGGTTT AGTAGATTTA AATAACCAA TTAAGAGGT TGTGGCCAT	7980
	AGTTATAGCT TCGTCGATGT GATGATTATC TTTTACGTG AAGGGCTAGA AGTGTGTTA	8040
20	ATTGTAATGA CATTGACTAC CATGACGCGT AATGTAAAAG ATAAGAAAGG GACTGCAAGT	8100
	GTGATTGGTG GTGCAATTGC CGGACTTGTA CTGAGTATTA TCTTAGCAAT TACGTTTGTA	8160
	GAAACTTTAG GGAATAGTGG CATTCTTCGT GAAAGTATGG AAGCGGGATT AGGTATCGTT	8220
25	GCGGTCATAT TAATGTTTAT CGTTGGTGTT TGGATGCACA AACGTTCAAA TGCAAAACGT	8280
	TGGAATGACA TGATTAAAAA TATGTATGCT AATGCGATTA GTAATGGTAA TTTGGTATTG	8340
30	TTAGCGACGA TTGGTTTAAT ATCTGTGTTG CGTGAAGGTG TCGAGGTTAT CATTTTCTAT	8400
	ATGGGGATGA TAGGTGAGCT AGCGACCAAA GATTTTATTA TTGGTATTGC TTTAGCTATC	8460
	GTTATTTTAA TCATCTTTCG ATTATTATTT AGATTATAG TTAAATTAAT ACCTATTTTC	8520
35	TATATATTTA GAGTGTGTC GATCTTTATT TTTATTATGG GATTCAAAAT GCTTGGCGTA	8580
	AGTATTCAAA AGTTACAATT ATTAGGTGCG ATGCCAAGAC ATGTTATTGA AGGATTCCCA	8640
	ACGATTAACCT GGTTGGGCTT TTATCCAAGT TATGAACCAT TGATAGCACA AGGTGCTTAT	8700
40	ATTATGGTAG TTGCTATCTT AATCTTTAAA TTTAAAAAAT AAAAAACAGG CCGAGTGCCT	8760
	GTTTTTTTTG TTGCTATATT GGAAATATTC GGTATTGCAG TATAACGATA ATCACAGCAT	8820
	TGATTCGTAT AAGGTTAATG TGTGGCGGT TTGCCTCGGC ATGTGAACTT AACGATGAAC	8880
45	ATACTGAACCT CAAAGAGCAA TATGAGTGGC AATGTGAGTA ATATATTTAA TGTTAAATCG	8940
	GGTGGTGCAA TGATACTGTC TAATACAAAG CAAGCGAAAT AAATATATTT ACGrTAATGT	9000
50	TTCAATGATG TGGTATCTAT AAGACCGAAT TTTGCAAGAC CCATAAATAA TATTGGTAAT	9060
	TGAAATAGAA GACCAAATGT GAATAACCAA CGTATGAGTT CAATCAAATA TGCTTTAAAG	9120

55

GGAAAGCCAA CATAAATGC AAAAGCGACG CCAGCACAGA ATAATAACAC GCTGAAAAAA 9240
 CTATATTTAT AAATAAATTG ACGTTCATTA TTATGTAATC CAGGTGCAAT GAATGCCAC 9300
 5 AATTGATAAA 9310

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 317:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3458 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 317:

ATTAGTATTA CACACTAATG TAAATAGATT GGTGGAGAA GAGATATTG CTAATAAGTG 60
 CCTTGCTAAT AATGATGTTT AAATTATGAA TTCAATAAAA AAATTAATTG AAGCTGAGTT 120
 20 ATTAACAACG ACTAATGATT TTGAAGTTAG TATATATAAA AAGACAAGAC CTGAATTACA 180
 AAGTATTTTA AAAAGTTTGT GTATAAAAC AACAGGTAAT AAACCTGACT TAATTAAACG 240
 TATTGACGAC AATTTTCATA TTATTAATAA CTTAGATTTA CCATATGTAT ATATACCAAT 300
 25 TAAGAAAGGA GAAGAAATTT TAAAGAAAAC AGAGTACTTA ACCTCTTTTA TACAAAGTTA 360
 TGGTGAAATT TCTCTTGAGC GTGCTTATTA TTTGGTTGAA AACTATATAG ATGAAAATTG 420
 CGATGATAAA GTTGCAGAAA TATACAAGTT TGAATTTCAA AGAAAATATG ACAATGGCGA 480
 GTTTGATTTT AATCATGGAT ATAATTTTCA ATTGAATATG TTGATAGATC ACTATAAAG 540
 AGATGTAAAA GACTACGATA ATGCCAGAAA GTATTCAAAT ATTTATCTTT ACTTTGGTTT 600
 35 GAGAGATTTT TTAaaaaaat TAATGAGTAA TTATTCATAT TACGATagTA AAGGGAATAT 660
 AGATTTGAAC GAAATACAAA ACGATCTGAA TAGATTTATC AACTCTAGCG CTTCTGGTAT 720
 GTACGAGCGA TTAATATATA ATGAAAATTT ATCCAATAAT ATTATGTTTG AATTATTTAA 780
 40 AAAGGACACA CAAGATTATA GTGATTTGGA AGAACAATTG ATTGAAAAGT TCATAAACTA 840
 TGTAGTGTCT AATGTAAAAA AAGAAAGTAG GAGTAATACT CTTATAGAGT TATCAAAAAT 900
 TTTAGAGAAC GGATATACAA TTGATAAAGA AGAATTTAAA AAAGAAGATG ATTATCTTTC 960
 45 TAAGTACATA TTTACTGACA TAGATTATTT GAAAAAGTTA GAATCAAAAA TAAACGTTGC 1020
 TATTGATATT CGAAGTGGAG AAATTCATTT GGTATTAGAT GATGATAGCC TTGATATATT 1080
 AATACAAAAT CAAAAATACG GCAATGAGTT TTGAGTCATA ACTAAATATA ATATGTTGAA 1140
 50 GAGAGGTTTT ATTTAAATGG CTAAAATTGG TTATGATCGT GTATCAACGA AAGATTAATA 1200

EP 0 786 519 A2

	AACGTACAGA GCTTGTTAAG TGTTCAGATT ATTTACGAGA GAGCGACACA TTAGTTGTCT	1320
	ATCAACTTGA TCGGTTAGGT AGAACGACAA AACTATTaAT TGAATTaTCA CAATGATTCCG	1380
5	ATGATAACGG AATTGACTTA CAAATTAGTA ACATGAACAT TTCAACGAAA GACACAATGG	1440
	GCAAAATGTT TTTTACGATG ATGAGTGCAT TTTTCaGGAT TAGAAGTTAA TTTACTATGT	1500
	GAGTGTATAA AATAGACTTA GCAGCAACAA GAGCGAGAGG CCGAAAAAGC GGGCGCCCT	1560
10	CTTTACCAGA GAATAAAAAA TGAGAAATTA AATTTTTTATA TGATGAACAA ACGATAACAG	1620
	GGGAAGAAAT AGCTAGTTAG ACAAGGGTAT GTCACTCAAC TGTTCATCGA GTTGATTAAAG	1680
15	AAATGAAAAA ACTTATACTA TGAATTACTG TTAAAAAGTG TGCATGTTAT AATATTTATT	1740
	GAGCAAGTTG GATAGATGGT GGCTAATCTC TTAATAAAGG GGTGATGCCT ATGGTTATAG	1800
	TTGTTACTCC TAGnAAAGGA CTAGCATGTC TGATTTTGAA ATGCTTATGG TTGTATTAAAC	1860
20	AATCATTGGT TTAGTATTGA TTAGTACTCA AGACCATAAA AAATAaCCTT CTATTCGCTT	1920
	TGACCGGCAT TTTTGAAGGC TATTTTTTAA TAAAATATAA GGTCAACGTC TTTTAAACGG	1980
	GCTCATTAGG GTAACATGTT TCCGAGTGTT GCCCTTTTTG TGTTCaAGA GTTAATGATT	2040
25	TTCATCTTTT GCTTCTACTT GCTACAAATA TATTTTAAACA CATTTTCTT ATGAATTGTA	2100
	GTTCTGAACA TAATCAGAAT TAATAAAACC AACTTTCCAT ACAGCAGAAA ATACAATTAA	2160
	AAGTATAGAA TGTAATCACG AATTATATAA AAAGTATTGG AGACCTCTTC ATATATAGAT	2220
30	AATTCACTTA GTTATTTTAG AAAGAAGCCC CTaCAACTA AAGTTGAAAA ATAGAGGAAC	2280
	ACAGTTgGAT TACGCATCAA CTGCATaAg CCCCTAaMAA CTAAAGTTGT AAGGGGcYCT	2340
	AAAATTTATT TTGGTTGATT GTCTTCTGGT TTATCTGAAG TCATTGTTTT TGTTGTATTA	2400
35	TCATTTAATG AATCTTGTC TTTTCTGTT TTGTTTCAA CAGATGTTGT CACTTTATCA	2460
	TTTTCTACTT TTGTATTTTT TGGTTCAGTG ACAACTTTTT TATTCTTGTC AGCTGTTTTT	2520
	ACTTTATCTT TAGTAATTTT TTGACCACGT TTTAAGTAAT ATTGAACGAT ACCCATTA	2580
40	ATGATTGCAT GAATAACAAC GAATAAAATA ATTGTCATTA CTGTATAAAC TCTTATGATA	2640
	TTTTCTGCAA CACTTTGAGA GAGTGATTGC GTATTAAATG AAATCAAGTA ACCAACAGGT	2700
45	GTTTTAAATA AAATAATAAT TAAGTTTAAT AATAGTATTC CAATGAAAAA TTTGAAAAAT	2760
	GTTTTTTGAC CATTTTTTCAT TGCTTTAAAT CCATTAGCTA AGTGTGTTTT TACTTTATCG	2820
	TTAGTTGATT CaACGAAACT AGTCaTAAAG TTGAAAATAG GTATTAAcAA TAACCAAGTA	2880
50	ATAATTGCTT TAATCAATAA AACAACAATG ATTATGATGC TTTGAGTTGT AATAGCAATA	2940
	CCAATCAGGT GTGTACTATC TGCATATGAT GATTGTACTG AATTCATAAT CATTTCTGAT	3000

55

ATAGATACAA GACCGATCAG AACGCTCTTT AAATAATTAC CTTTTTTAAA TGCAATAAAT 3120
 AAATCGGTAA ATTTTACTTT TTCATGACTC ATTGCTCGTT TCATAACATT TGTAATTCCG 3180
 5 ATAAAAATTT GAACTAAAAC AAACAGTGAA ACTACAGCTG CTATAAGTAA TACAGCGATA 3240
 ACTTTTAAAT ATGCATCTAC TGGTGGTTTT TGCCCAAATT GTGAATAAAT TGCAATAGTT 3300
 TGTGCATACT TAGCAAGCTG GAAATTAGCA AGTAAATATA CAACTGCAAT TACAGCAAAT 3360
 10 GCTATAAGTG CATATATCAA TGTATTAAAT AATTGTGGTT TAGCATTITT AAATGCTGAT 3420
 TTAAGTAAG TAAACAAAGT GGTGCCTCCT TTTCTTCA 3458

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 318:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 695 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 318:

25 GCTTGCAAGA TGCTTTCATT AAAGACAAAG TCATCGATAT TATGAATATG TTCCAAAATC 60
 AACTGATAT CACTTATACG TTGAATAAGT CTCATGCACA TATTATATGT ACGCCAGAA 120
 TATTTGCTAA ATTGTTACAT ACGATTGCAA CTAGAAATAT CGACATTCTA TCTGCCAATT 180
 30 ATAGATCGTC ATCTATGAGC AAAGCTCGTA TATCATAATA AAAGACACAT CTATACGATG 240
 ATCATTTACA ATGATTGCGT ATAGTGATGT GTCTTTTTTT GTATTATTTA TCTTCGGACG 300
 ATTGATCCTC AACCATTGTG TCAAATGCTT CACGAACTTG TGGTACTGTC ATACCTACTA 360
 35 CAACTTGGAT ACTCTTACCA CTCTTTACTA ATCCGTGTGC CATTGTGTTGA TGCGTGAAAT 420
 ATTCCGTATC TGCAACTTTA CTTTCATCAT AAACAGTTAA GCGTAATCTT GTTGACAGT 480
 TAGTAACATC TTTGATATTT TCTTTGCCGC CTAAACCGTC GAGGTAATAT GCAGCTTTGT 540
 40 CTTTCGTATC ATTACCAGAT GAAGCACGTT TAGAATCTAC GCTATCACCT TTTTATTTT 600
 TGTAATCTTG CTTAGAAAAT AATTAACTT CCTCTTCTGT TTYCTTACGT CCAGGTAATG 660
 45 GAATATCAA TTYCAAAT AAGAATCTGA ATAAG 695

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 319:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 875 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 319:

AATATTGaTa TTATATATAG TCGAATCaAT GATGACCCaC ATCGACCCtAA TGCAAATAAT 60
 5 AAGACAATCA AGCAGTTAAA TGACTTGTAT TGCTCGCGGA ATTTAAGATA TAATGAAATC 120
 GCATTCAAGA AATTGATAG TCATTGCTA TCAATTTcAG AAATATATTA TGAATTGCTA 180
 AATTTAATAA AAGCGAGTGA TCAGTATTAG AGAGAATAGA GCGTTAAGAC TCTATCGCCG 240
 10 AAGtGCAAGT AATTTATTAC GAAACTCTCA GGcAAAAGGr TAATACTGTA ACGCGTTCCT 300
 GAATTGGTGA TTTATAAACA GGGTAGCGAT TGCTATCCTG TTTTATAAT TTTAAGGGGG 360
 TATTTCAATG TCAAGTGATT TAAACAAAC ACCTTTATAT CAAAATTATG TTGATAGAGG 420
 15 TGCAAAATTT GTGGAATTCG GAGGATGGGC GATGCCTGTT CAATTTTCAA GTATTAAAGA 480
 GGAGCATAAT GCTGTTCCGAT ACGAAATTGG CCTGTTTGAT GTTAGTCATA TGGGTGAAAT 540
 20 TGAAGTAACA GGTAAAGATG CTAGTCAGTT TGTGCAATAT TTATTATCAA ATGATACTGA 600
 TAATTTAACT ACTTCAAAAG CATTATATAC TGCTTTATGT AATGAAGAAG GCGGTATTAT 660
 TGATGATTTA GTAATATATA AATTAGCTGA CGACAATTAT TTATTAGTTG TTAATGCTGC 720
 25 TAATACTGAA AAAGATTTTA ATTGGATTTT AAAACACAAA GAGAAATTTG ATGTTGAAGT 780
 ACAAAATGTA TCAAACCAAT ATGGTCAATT AGCAATACAA GGACCAAAAG CtAGAGATTT 840
 AATTAATCAA TTAGTTGATG AAGAKGTAAC TGAAA 875

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 320:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 5897 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 320:

TCTTTTACG AAGGCTACCG TTTAGGATCT GATAACTTAA CTGTAGGAGA AATTGTATTT 60
 AATACAGCGA TGACAGGTTA TCAAGAACT ATTCAGATC CATCATATAC AGGTCAGATC 120
 45 ATTACTTTTA CGTATCCATT AATCGGTAAT TATGGTATCA ATAGAGACGA TTTTGAATCA 180
 TTAGTACCTA CATTAAACGG TATTGTAGTG AAAGAAGCGA GTGCGCATCC AAGTAATTTT 240
 AGACAGCAAA AGACACTTCA TGACGTTTTA GAATTGCATC AAATTCCAGG GATTGCAGGT 300
 50 GTTGATACAA GAAGTATTAC GCGTAAATTT CGACAACACG GTGTGTTAAA AGCTGGTTTT 360
 ACTGATCGAA AAGAAGATAT TGATCAACTT GTCAAACATT TACAACAAGT AGAATTACCT 420

	AGTGTCGTAC TTGTAGACTT TGGTAAGAAG CAAAATATTG TTCGAGAATT AAACGTCAGA	540
	GGTTGTAACG TCACAGTTGT ACCATATACA ACTACTGCCG AAGAAATTTT AGCAATGGCT	600
5	CCAGATGGCG TTATGCTATC AAACGGACCA GGTAATCCTG AAGTTGTAGA ATGTGCGATT	660
	CCAATGATTC AAGGAATTTT AGGGAAAATT CCGTTCCTTG GTATCTGTCT AGGACATCAA	720
	CTTTTTGTCAT TATCTCAAGG AGCAAGCTCA TTTAAATGA AGTTGGTCA TCGTGGTGCG	780
10	AACCATCCAG TTAAAAATTT AGAGACTGGA AAAGTTGATA TTACGAGTCA AAACCATGGA	840
	TATGCAATAG ATATAGATTC GTTAAAAAGT ACTGATTTAG AAGTTACTCA TCTTGCATTA	900
	AATGATGGTA CTGTAGAAGG TTTAAACAT AAAACATTAC CAGCATTTTC TGTTC AATAC	960
15	CATCCTGAAG CAAATCCAGG ACCGTCAGAT TCAAACATC TATTTGATGA TTTTGTAGCA	1020
	ATGATGACTA ATTTTAAAGG AAAGGAGCGT CATATCAATG CCTAAACGTA ATGATATCAA	1080
20	AACAATTTTA GTAATAGGGT CTGGGCCAAT TATCATAGGT CAAGCAGCTG AATTTGATTA	1140
	TGCTGGAACA CAAGCATGTC TAGCTTTAAA AGAAGAGGGA TATCGAGTTA TTCTTGTA	1200
	TTCAAATCCA GCGACAATCA TGACTGATAA GGAAATGCG GATAAAGTAT ATATCGAACC	1260
25	GTAACTCAT GATTTTATAG CGCGAATTAT ACGTAAAGAG CAACCTGACG CTTTACTTCC	1320
	AACTTTAGGT GGTCAAACAG GTTTAAACAT GGCGATTCAA CTACACGAAA GTGGTGTGCT	1380
	TCAAGATAAT AACGTCCAAT TATTAGGAAC TGAGCTAACA TCAATTCAAC AAGCAGAAGA	1440
30	CCGTGAAATG TTTAGAACAT TAATGAATGA TTTAAACGTT CCTGTACCAG AGAGTGACAT	1500
	TGTAAATACA GTAGAGCAAG CCTTTAAATT CAAAGAGCAA GTGGGATACC CGCTAATTGT	1560
	TAGACCGGCA TTTACGATGG GTGGTACCGG AGGCGGTATT TGTGATAATG ATGAAGAATT	1620
35	ACATGAAATC GTCTCAAATG GTCTTCATTA TAGTCCAGCA ACGCAATGTT TATTAGAAAA	1680
	ATCTATCGCA GGTTTTTAAAG AAATCGAATA CGAGTAATgC GTGaTAAAAA CGATAATGCC	1740
40	ATCGTTGTAT GTAACATGGA AAATATTGAT CCAGTTGGTA TTCATACAGG CGATTCAATT	1800
	GTTGTGGCTC CTAGTCAAAC ATTATCAGAT GTTGAGTATC AAATGTTACG TGATGTTTCA	1860
	TTAAAAGTTA TTCGAGCTTT AGGTATCGAA GGTGGTTGTA ATGTTCAATT AGCATTAGAT	1920
45	CCCCATTCAT TCGATTATTA TATTATAGAA GTAAATCCGC GTGTATCAGG TTCATCAGCG	1980
	TTAgCTTCAA AAGCAACAGG ATATCCTATT GCAAAATTAG CTGCTAAAAT CGCGGTTGGT	2040
	CTAACATTAG ATGAAATGTT AAATCCAATT ACAGGAACAT CTTATGCAGC GTTTGAACCA	2100
50	ACTTTAGACT ATGTGATTTT AAAAATACCA AGATTTCTT TTGATAAATT TGAAAAAGGA	2160
	GAACGAGAGC TTGGCACACA AATGAAAGCA ACAGGTGAAG TTATGGCCAT TGGTCGAACT	2220

55

	TTACCAAATG GTGAAAGCTT CGATCTTGAT TATATTAAAG AACGTATTTTC ACACCAAGAT	2340
	GATGAACGAT TATTTTTCAT CGGCGAACAA TTAGAAGAGG CACAACATTA GAAGAAATTC	2400
5	ATAATATGAC TCAGATTGAT TACTTCTTCT TACACAAGTT CCAAAACATT ATTGATATTG	2460
	AGCATCAATT AAAAGAGCAT CAAGGTGATT TAGAATATCT TAAATATGCA AAAGATTATG	2520
	GATTTAGTGA TAAACAATA GCGCATCGCT TTAATATGAC GGAAGAAGAA GTATATCAAT	2580
10	TGCGTATGGA AAATGATATT AAACCTGTTT ACAAGATGGT TGATACTTGC GCAGCTGAAT	2640
	TTGAATCTTC AACACCATAT TATTATGGTA CATACGAAAC TGAAAATGAA TCCATAGTTA	2700
15	CTGACAAAGA AAAAATCTTA GTATTAGGCT CTGGACCAAT TCGAATCGGC CAAGGTGTAG	2760
	AATTTGACTA TGCACAGTT CACGCCGTTT GGGCAATTCA AAAAGCAGGG TACGAAGCGA	2820
	TAATTGTGAA TAACAATCCA GAAACAGTTT CAACAGACTT CTCAATTTCT GACAAATTAT	2880
20	ACTTTGAACC TTAACTGAA GAAGATGTGA TGAATATCAT TAATTTAGAA AAACCTAAAG	2940
	GTGTCGTTGT ACAATTTGGA GGACAAACAG CGATTAATTT AGCAGACAAA TTGGCTAAAC	3000
	ATGGTGTTAA AATACTTGGT ACTTCACTAG AAAATCTAAA TCGTGCTGAA GATAGAAAAG	3060
25	AATTTGAAGC ACTATTAAGA AAAATTAACG TGCCACAGCC ACAAGGGAAA ACAGCTACAT	3120
	CACCTGAGGA AGCATTAGCG AATGCTGCAG AAATCGGATA TCCGGTTGTA GTAAGACCTT	3180
	CTTATGTATT AGGTGGTCGC GCAATGGAAA TTGTAGACAA TGACAAAGAG TTAGAAAAC	3240
30	ATATGACCCA GGCTGTAAAA GCGAGTCCGG AACATCCGGT ACTAGTCGAT AGATATTTAA	3300
	CTGGTAAAGA AATTGAAGTT GATGCGATTT GTGATGGAGA AACGGTCATT ATTCCAGGAA	3360
	TCATGGAACA TATTGAACGT GCTGGTGTGC ATAGTGGTGA CTCAATCGCT GTATATCCAC	3420
35	CACAACTTT GACAGAAGAC GAGTTAGCAA CACTTGAGGA CTATACTATA AAATTAGCTA	3480
	AAGGTTTAAA CATCATTGGC TTAATCAACA TTCAATTCGT TATAGCTCAC GATGGTGTGT	3540
40	ATGTTTTAGA AGTAAATCCA CGTTCTAGTA GAACGGTACC ATTCTTAAGT AAAATTACTG	3600
	ATATTCCAAT GGCACAATTA GCTATGCGAG CAATCATTGG GGAAAACTA ACAGATATGG	3660
	GTTATCAAGA AGGGGTTCAA CCATATGCTG AGGGTGTCTT TGTGAAAGCA CCAGTATTTA	3720
45	GTTTTAATAA ATTGAAAAAT GTTGATATTA CTTTAGGACC TGAAATGAAG TCAACAGGTG	3780
	AAGTGATGGG GAAAGATACT ACATTAGAAA AGGCGTTATT CAAAGGGTTA ACAGGTAGTG	3840
	GCGTTGAAGT TAAAGATCAC GGTACAGTAT TAATGACCGT CAGTGACAAA GATAAAGAGG	3900
50	AAGTTGTTAA ATTGGCACAA CGCTTAAATG AAGTTGGCTA TAAAATTTTA GCAACGTCTG	3960
	GAACAGCTAA TAAATTAGCT GAGTATGACA TACCTGCAGA AGTAGTAGGC AAAATTGGTG	4020

55

TGAATAAGG TAAAGAAGTA GAAAGGGATG GCTTCCAAAT TAGACGTACT ACAGTTGAAA 4140
 ATGGTATTCC ATGTTTGACA TCTTTAGATA CAGCTAATGC CTTAACGAAT GTAATTGAAA 4200
 5 GTATGACATT TACAATGCGT CAAATGTAAA TCAATCAAAC TGTATCGGTG GGGCTGTAAT 4260
 TAACCATTTA CTTAAAGAAG TTTATATTAC AGCCTCATTA TTTAATGAA TTTCTTAATA 4320
 TAAAGGGAGA CaTATATGAT GAAAGATTTA CCAATTATTG CATTAGATTT TGAATCAAAA 4380
 10 GAAAAAGTAA ATCAATTTTT AGATTTATTT GATGAATCAT TATTCGTAAA AGTAGGTATG 4440
 GAACTTTTTT ATCAAGAAGG TCCTCAATTA ATTAATGAGA TAAAAGAAAAG AGGCCATGAT 4500
 GTATTTTTAG ATTTAAACT GCATGATATT CCTAATACAG TTGTAAGGC GATGGAAGGA 4560
 15 CTAGCTAAAT TGAATGTTGA TCTGGTAAAT GTTCATGCTG CTGGTGGCGT AAAAATGATG 4620
 TCTGAGGCCA TTAAAGGATT AAGAAAACAT AATCAAGATA CAAAATTAT TGCAGTAACA 4680
 CAGCTTACGT CAACAACAGA AGACATGTTA CGACACGAAC AAAATATACA AACATCGATT 4740
 20 GAAGAGGCCG TTTTAAATTA TGCCAAGTTA GCAATGCAG CTGGTTTAGA TGGCGTTGTT 4800
 TGTTACCTC TTGAAAGTCG TATGTTGACT GAAAAGTTAG GTACATCATT TTTAAAAGTA 4860
 25 ACACCAGGTA TTAGACCTAA AGGTGCATCT CAAAATGACC AACACCGTAT TACGACACCG 4920
 GAAGAAGCAA GACAGCTTGG TTCGACGCAT ATTGTAGTCG GTAGACCGAT TACACAAAGT 4980
 GACAATCCAG TCGAAAGTTA TCATAAAATT AAAGAAAGTT GGTTAGTATA ATGGCTAAAG 5040
 30 AAATTGCAA ATCATTATTA GATATTGAAG CTGTAACATT ATCACCAAAT GATTATATA 5100
 CATGGAGTTC AGGTATTAAA TCACCGATT ACTGTGATAA CCGTGTACG TTAGGTTATC 5160
 CTTTAGTTCG AGGCGCAATC CGCGATGGTT TAATTAACCT AATTAAAGAA CACTTCCTG 5220
 35 AAGTAGAAGT TATTTCTGGT ACTGCAACAG CTGnTATTCC ACATGCAGCT TTTATTGCTG 5280
 AAAAATTAAA ATTACCAATG AATTATGTTT GTTCATCAA TAAGAGTCAT GGTAAGCAA 5340
 ATCAAATCGA AGGTGCTAAA AGTGAAGGTA AAAAAGTAGT TGTGATAGAA GATTTAATTT 5400
 40 CGACAGGGGG ATCTTCAGTC ACAGCAGTTG AAGCCTTAAA ACTAGCAGGT GCAGAAGTAT 5460
 TAGGTGTTGT AGCTATCTTT ACTTACGGTT TGAAAAAGC AGATGATACA TTTAGCAATA 5520
 45 TTCAACTACC TTTTACACT TTAAGTGATT ACAATGAATT AATTGAAGTA GCTGAmAmTG 5580
 AAGGTAAAT TTCTAGTGAA GATATCCAAA CATTAGTTGA ATGGAGAGAC AACTTAGCAT 5640
 AATATAGACA CTAGAAGGAG GAATTCAACA AATGAATGAC AAAACATCTA ATGATTATA 5700
 50 TGGGAAGATA AAACATTGTA ACGAATTTAT CAATCATTCA AATGATTCCA ATCTATCTAG 5760
 TAGTCACGAT GTCGACGAAA GTTCAACGAA GCAAAAACAT ATAAAAATA AAACAACTAT 5820

55

TTAAAAACAA AAAAGCT

5897

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 321:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 7965 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 321:

5	TCATTCTAAA TCAACTTATT TTCCATTGCA TAAATTGCTG CTTGTGTACG ATCGCTAACT	60
10	TGTAATTTAC TAAATATATG ACTGACATGT GTTTTAATTG TTTTTCAGA TACAAATAAA	120
	GTTTCTGCAA TCTCTTTATT TGTTTTACCT TTAACCATTT CACGTAACAC TTCAATTTCT	180
15	CTCTTTGACA ACTTATTCGT GTAGTGTGGT TTTTGGCTAA CTGTTTCGAA TACATCTTGT	240
	GCCTTAGGAT GTATCATTTT TTCACCGTTC ATAACCGTC TAATAGTTTC AATTAATTGC	300
20	TGAGGCTCAA CGTCTTTCAT TTCATAACCA TCAGCACCTT TATTGATTGC TGAAATTACA	360
	TGTTTCATCAT CAACATAACT TGTTAATACC AAAACTTTAA TATCCGATA ATGTGCCTTA	420
25	ATATATTCCG TAATTTCAAT ACCATTCTAT CCAGGCATCA CTAAATCTAA TAGCACAATA	480
	TCAGGGTGCT CATGCTCTTT TAAATATTCT AAAAATGTTT CTCCATCTGC AAAGTCTTGT	540
30	AAAACTTCTA TGTTTTCAaT CGTGGaTAAT AAAAATCGCA ATCCTTGtCG CACAATATAA	600
	kGGWCATCTA CTAATATnAC TTTGTTCTAT GGTATCTCC TTAAAtCAAG CTATTTTATA	660
35	GGAATTGTGA ATTGTATTTG TGTACCCTTT GTTGGCTGAG AATGAAAGGT CACTTTACCT	720
	CTTAATAAAT TAACTCTTTG TTTTATGTTA TTAATACCGT GTGATGAAGC TATCTGAACA	780
40	TTATCGATCT CAAATCCTTG ACCATAATCA ATCAGTCAA TATATAGTAT ATCGTTCATT	840
	TGTTTTAATG TAAGATCCAT TTTATTCGTA TCAGCATGTT TCTTAACATT ATTAATACAC	900
45	TCTTGTAATG CTCTGTATAT GTTTTCTTCG ATTTCAATTAG ATAAATCGAT TAAACCTTCT	960
	ACATTTACAT TTAATTGTAT ATGCATTAAT TTAATATATG CTGTCAAAGC ATGAATTAAA	1020
50	CCTTGCTCAA GTCCAACCTG CTTAAGTnGC CAAATCAATG CACGCATTTC ATTAACGGCA	1080
	TTTTGACTCG TTtCCTCAAT CGTCTTGAAT GCTTGTTTAG CGATGGATTC GTTTGACATG	1140
55	CCATACGCAG CATGTGctGT TAGTTTTACA GAAAATAACA TTTGATTTAC TGAATCATGT	1200
	AAATCTCTAG CTAAACGATT ACGTTCATTA ATTTTTGCCG CTTCTTTTTC ACGGTCTGTT	1260
	AAATAAATAC GTTTGATGGC TGACCCTAAT TGAAATGCGA CAGACTCTAG CAACTCTAAA	1320

	TGACCCGATT TAAGTGGTAC CGTTGCATGA TGTGTAATAT TGTCATTTTG GCTAGGAAAT	1440
	GCTTTAGAGG CTAAGTTAAT ACGAGAACAA TTGACGATAT TCGACGCTTT CATTAGCCTA	1500
5	CGTTGATTAA ATGCTTTCAC ACACCAACAA GACCCATCTT TAATATAGTG ACAGTGGTCT	1560
	GCTGTCAAAG ATTGTGGTAG AGCCACATGT GATACAAGTT CATGTTTACC TACGCTATTG	1620
	ATGAAAAATA TCCAGCCTGT CGTGAAATTA CTGCCCTCAA TTAAATATTT TAACGCACCT	1680
10	TGGGTCATGC TATACATTTT TGTTCCTTCG TTTAAAAATT CGGCAATCTC TTTTAATAAA	1740
	GCTAGTCGCG TCCTTTGTTC CATCAAATCG CTCCAATTCA TTTTACGTG TATTAECTAT	1800
	TATACATTGA GTTATTATAT TTTTAAATCT TAGACGTAAA CATGATAAAA TGGCCTTGAT	1860
15	TACTCAATAG TTATATTTTC GAGAACTGAT TTGTGATATG ATATTAAAGA CTATAGGAGG	1920
	ATTTTATGAA ATTTAAAATA CCAGAAAACCT TTAATGACTT AAGTTTACGA GATATTTTCC	1980
20	AACAACCTTAA GGTACCTAAA AAAGATTTAC ATCATTTAAA TATGTCTAAA GATATTACTA	2040
	TTAATGATAA ACCTGCGCGA TTAATGGATA AAGTGCATAC TGGCGACGAT GTATTTGTTC	2100
	CAACCATCGA TGAAAAAAGT AATTATGTTC CAAGTTATCG TTATGCACAA ATTAAATACG	2160
25	AAGACGATGA TATGGCAATC GTAATGAAAC CTAAAGGTGT TAAGACTCAC CCTAATGATT	2220
	TAAAGAAAG CAATACCTTA ATGAATCATG TGATTTACAC TATTGATAGT GACTATGTCG	2280
	AACCAATTCA TCGACTGGAC CAGGAAACAG TAGGATTATT AATTGTTGCT AAAAATCCTT	2340
30	TAATGAAAAA AATTCTTGAT CGCATGTTAG AAGACAATGA TATTACGCGG ATATACAAAG	2400
	CAAATGTTAA GGCACCTTTA CCTTTAAAC CACAAACGAT TGATATGCCA ATTGGTAAAG	2460
	ATAAATTCCA TTCGAATAAA CGACGTGTGT CTCCTACTGG ACAGCGTGCA ATTACACACA	2520
35	TTTTAACTTC AAAAATGATA AAAGAAGCTG TGTGCCmACT TGAAATCAAG TTGGATACTG	2580
	GACGTACTCA TCAAATwCGT GTGCATTTAG CTGAAATTGG TCACCCTGTT ATTGGTGATC	2640
	CTTTATATGG TGATTCAACG TTAAGACAAT TAGAACTTGA AAGTTACAAA ATAGAGTTTG	2700
40	TGcATCCCTT GACTAAGGAA GTCATTTCCG TTTCTTTGGA TGACTAATTT GATTAGTTTT	2760
	GCATGATATT tAAACATGCA ATACCGCATT GTAACATAAT CAAGTATCAA CtTAAACGGA	2820
45	TAGATGGAAA ATTATTAATT TTTTCAGATG TTCGGTTTTT TTGTTTTTTA CGATGCTTAG	2880
	GATTTTATAT TTTGATATTT TAGTAATTAT TCATTTTATA ACATCCTTGG ATAATGACTT	2940
	GTAGTCTTTT TCAACTGCCG TACGTGTATC TATGGACAAT ACATGACATC ATAAGATTTT	3000
50	TATCACAGGT TGTTTGGCCA ATACATGTAC AACAATTCAT CATATAAAAA ATAGGTTCTA	3060
	TAATAAAACG GACTCCATGA AAAGTTTTTC CTTTTCATGG CTCTATATCA AATCAGACTT	3120

55

	CCAAACTTTA	TTTTATATTA	ATATTTAATT	AATGAGGATC	TACCATATCT	TCTGGTTTAA	3240
	TCCATGCTTC	AAATTGTTCT	TCTGTAACAT	ATCCAGTTTG	AATTGCAGAT	TCTTTTAAAG	3300
5	TTAAACCTTC	TTTATGGGCT	TTCTTAGCAA	TTTGAGCTGC	TTTTTCATAA	CCAATATGTG	3360
	GATTTAATGC	AGTAACTAAC	ATTAAATGATT	GATTTAAATA	ATTATCAATA	TTCTCTTCGA	3420
	TTGGTTCAAT	GCCCACTGCA	CAATTGTTAT	TAAATGTTTC	CATACCATCA	GCTAAAAGAT	3480
10	AAATTGATTG	TAGTGTATTA	TGCATAATAA	CTGGTTTATA	AACATTCAAT	TCAAAGTTAC	3540
	CTTGTGAAC	TGCGAACC	CAACTGTATC	ATTACCCATT	ACTTGGACTG	CAACCATTTG	3600
15	TAACATTTCA	CATTGTGTAG	GATTAACCTT	ACCAGGCATA	ATTGATGAAC	CTGGTTCAAT	3660
	TTCAGGGATA	GAAATTTCTG	CCAAACCAGC	TCGTGGCCCT	GAAGCCAACC	ATCTCACATC	3720
	ATTAGCAATT	TTCATTAAGT	CTCCTGCTAA	TGCCTTCAAT	GTTCCATGCA	ATTGAACAAC	3780
20	TTCATCATGC	GCTGTAAGTG	CGTGGAAATTT	ATTTTCAGAA	GATACAAATG	GATAACCCGT	3840
	ATTTTCTGAA	ATATAATGTG	CCACTTTATC	ACCAAATTCA	GGATGCGCAT	TAATACCAGT	3900
	ACCAACAGCC	GTACCACCGA	TGGCAAGATT	TAAAATGTGC	TTCTTAGATT	CAGATAACAT	3960
25	TGTTTCACAA	CGGTCAAGCA	TATAACGCCA	GCCACTAATC	TCTTGTCTTA	GTTTGATCGG	4020
	CGTTGCATCT	TGTAAATGTG	TACGACCAAT	TTTAATAATT	GAATCAAATT	TATCTTCTkT	4080
	TTCTTTCAAA	GTATTTCTTA	AAAGTTTTAA	TGCAGGTTCT	AATTTTGTTT	CAACCTCTTG	4140
30	ATATAATGCA	ACGTGCATAG	CAGTTGGGaa	TGTATCaTTC	GaACTTTGAG	ATTyATTTAC	4200
	ATCATCATTk	GGGTGGATAC	TTTCATCACT	TTGATGATCT	TTTAAATACA	TATTAGCAAC	4260
35	ATAACTTACT	ACTTCGTTCA	CATTCATATT	ACTTTGTGTA	CCGCTTCCTG	TTTGCCATAC	4320
	AACTAGTGGG	AAGTGTTTCA	CTAATTCACC	TGATAAAATT	TGATCACATG	CGTATACAAT	4380
	GGCATCTTTC	TTTGCCTCGC	TTAATTTTCC	TAAATCAAAA	TTAGCTATTG	CTGCTGCACG	4440
40	CTTTAGTTGT	GCAAAACCAT	AACTACTTTC	GATTGGCATA	CGCTCTTTAC	CAACTGGGAA	4500
	ATTACGTTTA	CTTCTTTCTG	TTTGAGCACC	CCAATATTTA	TCTGCAGGTA	CTTCTATTTT	4560
	TCCAAAAGTA	TCATGTTCAA	TTCTTACTGA	CATTCAATTT	CTCCCCTTAT	CACTGTTTAT	4620
45	TTAACTGTAG	TATATCATT	AATAATTTAA	TTGAGCAATT	TATGATTAAA	ACGTTTTCAT	4680
	AATTTGAAAT	AAAAATACAC	TAATCGCACG	TGTTCAACCT	TTATTACAGT	GATACGGTCA	4740
	TACGATTAGT	GTGTTATCTA	TCATTATTTA	GTTATTATTG	AACTAAGTTT	AATTACGATA	4800
50	CTTTGTTTTA	GTAGCTTCAA	CCGtAGCAAT	AGCTGTAAGT	ATATATAATA	CAGCACTAAC	4860
	AATTGTCGTA	TATGGATTTA	GAGCAACAAG	CGTaCCTAAA	ACTCCTGTTA	AACTCGCATA	4920
55							

	TACAATACCT GATTGATTAC TTTTAATGAA TGTTTGCGCA TTAACATCAT CAATTAATCC	5040
	TTTTGATAAA TTGAGTTGTA ATTTTATTAC TTTGAAAATA ACAGGTAAAT ATAATGCCCC	5100
5	AATTGCCAAT GGAAAAGCTT TAATTGATAT TAAACTTATA ATAAGTGTG CTATCAATAA	5160
	TTGAATCCAG TATTTTCCTA ACATAAATAT ATAAATCTCC TCTAATTCA TTCTTCAATA	5220
10	GCATATCATA ATCTTGGCAT ATTAAGAAAC GCGGTTTAAT GATTTCATTA AAAATATTAC	5280
	TGATAGATGA CTTCTTTCAA TTATGCTGAG AGTAATTAAT TATCAATTCC GTTTAAATGG	5340
	TGTTTTAATA TTAAAAATTG AACTTTTGAT ATATTACTAT GTCTGGTACA CAAATCAATG	5400
15	TTTTATGCTT TACAAAGTTA TATTGGCAGT AGTTGACTGC AGTCCACAAC ATAGAGGCTT	5460
	CGGAATGTCA GCTTCTATTT CATGCAAGTT GGTGGAGCTC CAACATAGTG GAATTGGATT	5520
	CCCAATTTCT ACAGACATTG CAAATTGGGG AAACGGGCCA CAAACTCAGA AACTGGTGGA	5580
20	AAGTCAGCTT AAAATAACAT GCAAGTTGGC GAGGCCCCAA AATAGTGAGA TCGGATTTCT	5640
	AATTTCTACA GACATTGCAA ATTAGGGAAA CGGGCCACAA ACTCAGAACT TGGTGGAAAG	5700
	TCAGCTTAAA ATAACATGCA AGTTGGCGGG GCCACAACAT AGAAAAATTG GATCCTCAAT	5760
25	TTCTACAAAC AATGTAAGTT GGGGAAACAG CCCCAACACT GAAACTAGCA GAAAGTCAGC	5820
	TTCTATGAAT ATAATAAAAA AGCTAGGTAA CAAATGCTA CCTAACTCA TATTCAAGAT	5880
	AATCAATCCT ATTTGATATA TGTTCTATAC TATACATTAT TTACATGATA AATAACTGAA	5940
30	TATTACACAA TTATAATACT TTAAGTACTG TCTTCTTCAG AATTCTTTTC TTGATCATTT	6000
	TGATCAGAGA TTGTTCCAT TTCTTTACCT AATTCTTTTA AATCTTCAA ATCCGTTACC	6060
35	ATACTGTTTT CTCTTTCATG ATAATTTAAT TTTGGATCTT TGTCTTTAGA CATAATCAAT	6120
	ACCTCACAGA TTTTAAATTA AGCAAAGCGT GACGTAAAGT AAGCTTTAAC ATCTTCAGGT	6180
	AAACCTGCAG CCGCTTCTTT ATCAAGAATA ACATTTACCA TTCTATGTGC TTTTAAATCG	6240
40	GCTGGTTCGA AGCTTGTTTT ACCATTTTCT TGATATAATT TTTCAACTAC ATCTCGTTTA	6300
	TTAGCACCTG TCACTACTAA GAAAATTTCT CTTGCTTCCA TTAGTCCTTG ACGAATACTA	6360
	ACATTTAACT TACCTTGCTC ATCGATAGAA ACAACTTGTA ATGTTAATTT CCCTTTATTT	6420
45	TCTTTAGTTT TAATCTTATC AGCGATTAAT TCGATTGCAT CTTTTTCATA AGCAATTGGA	6480
	TAAACTTGAC CTGCTGGTAC ACCTAACGCT TCGAAATATG ATTTTTTATC GTCATAATCT	6540
	AAAATATTTA TTGGCTAAA ATCAACAGCA TGTTTTTCAA CATTTTTCTT TAATTCATCT	6600
50	AGAACTGGCG CTTGATCTGT ATCTAAATGA AAACCTGCAA TTGTAGTAGG ATTATTGTTA	6660
	AATTGCTTTC TAATAATATC AGCAGCATAT TCTGCTACAA GTTGACTATT GTCAAAGACT	6720

55

	GATATTAATA ATTATTATAC CCTAACTTTC AATATATCAA ACCATTTAAC TTTAACATGC	6840
	TTATACTCTA AATATAGCAC TTAAGCATCA TTTTATAAT GAAAATGAGT AAATTTTAAT	6900
5	TCAATCCCGG TAAATCTTGT TGACGTAACG CTTCATAAAT TAACAACGCA GCAGTATTTG	6960
	ATAAATTAA TGAACGAATA TGTCTACTCA TAGGAATTCT TAACGCTGTG TCTTGATATT	7020
	TCTCTTTCAC CCAGTCTGGT AATCCTGTCTG TTTCTTTTCC AAAAATGAAG TAAAAATCTT	7080
10	TGTCATGATT TGAAAAATCA AAATCACTAT AAGTCTTTTT ACCAAATTTT GTTAATAAGT	7140
	AATACTCGCC ATTTGTGACT TCAAAAAATG CTTCAATACT ATCATGATAC GTAATATTCA	7200
	CAAATCCCA ATAATCTAAA CCGGCTCTTT TTAACATTTT ATCATCAGTT CTAAATCCAA	7260
15	GAGGTTTAAAT TAAATGTAAA TGTGTGTTTG TACCTGCACA CGTACGCAA TGTTACCAGT	7320
	ATTAGCTGGG ATTTCTGGTT GATATAAAAC GATATGATTT GTCATATTAC TATTCTCTCC	7380
20	TTGTGTCTAA TCCTTTTATC ATTTCACTCT GAACTTCTGC ATCCTCTTGA TCATAATTAG	7440
	CATTGATAAA ATCTCTTGCT TCTTCCCCAA GAATTTGACC AATGGCCCAA TAAGCAGTTG	7500
	CTCGAATCAA CGGTCTTTCA TCTGTTGTTG CAACTTTTTT CAATTCTGGA ATTGCATCCA	7560
25	CTTCATTAAA ATGCGCCAAT GCTAAAATAG CATTTCGTTG TATCGGCTTT TTACCAGGCC	7620
	AAGCACCTGC AAGGTGACCA TATGTTTGTT TGAATTTCTT ATTAGACATA CGTAGTAAAG	7680
	GTAATAATCT TGGCTTTAAA ATTTCTGGTT CCAAATGAT GTCATCTTGT TCGGTATTAA	7740
30	TACCTCTATT TTTCGGACAA ACTTGTGAC ACGTATCGCA ACCATATAAT CTATTCCCAA	7800
	TTTTATAACG ATATTGGTCA GGCATATAGC CTTTGTGTTG CGTTAAAAAA CTAATGCATT	7860
	TCTGACTATT TAATTGGCCA TTTCCAATA ATGCACTTGT TGGACAACGA TCAACACAAA	7920
35	TTGTACAATG CACCACAGCT ATCTAATAAT GGATCATCAG GTTCC	7965

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 322:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1302 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 322:

	GCCCTGTTGG AGAAATCACC TTTATACGAT GGTGAAAAA GCATCATTAG GTACAATCGT	60
50	GGCAATTATA GTATTTTTCG TGTTTTTAAG AAACATTCGT ACGACGGCAA TTTCTATTAT	120
	ATCGATTCCG TTATCACTTC TTATGGCGCT TATTGCTCTG AAATTGACTG ATGTTTCATT	180

TGTAGTTGTT GAAAATATTT ATCGACGCTT AACAGATTCA GAAGAACAAC TAAAAGGTGA 300
 AAATTTAATT ATCAGTGCGA CAACTGAAGT ATTTAAACCA ATAATGTCAT CGACACTAGT 360
 5 TACTATTATC GTCTTCTTAC CACTTGTGTT TGTATCAGGT TCAGTAGGCG AAATGTTTAG 420
 ACCTTTTGCA TTGGCTATTG CATTAGTTT ATTAGCATCG TTATTAGTGT CAATTACACT 480
 CGTTCCAGCG TTGGCAGCTA CACTATTTAA AAAAGGCGTT AAACGTCGTA ATAAACAACA 540
 10 TCAAGAAGGA TTAGGTGTTG TTAGTACAAC TTATAAAAAA GTATTACATT GGTCAATAAA 600
 TCATAAGTGG ATTGTAATTA TATTAAGTAC ATTAATTTTG GTTGCAACTA TTGTATTTGG 660
 AGGACCGAGA CTAGGCACTA GCTTTATTTT AGCAGGTGAC GATAAATTTT TAGCTATTAC 720
 15 TTATACACCG AAGCCTGGTG AAACGGAGCA AGCAGTGTG AATCATGCGA AAGATGTTGA 780
 AAAATATTTA AAACAGAAAA AGCATGTAAA AACAATTCAA TACTCAGTTG GCGGTAGTAG 840
 TCCAGTAGAT CCAACGGGTA GTACAAATAG TATGGCAATC ATGGTTGAAT ATGATAATGA 900
 20 CACGCCTAAT TTTGATGTAG AAGCGGATAA GGTATTAAA CATGCAGATG GCTTTAAACA 960
 TCCTGGAGAG TGGAAAAATC AAGATTTAGG AACAGGTGCA GGTAATAAAT CTGTAGAGGT 1020
 25 TACTGTAAAA GGTCCATCAA TGGATGCCAT AAAATCAACT GTAAAAGATA TTGAACAGAA 1080
 AATGAAACAG GTTAAAGGAC TAGCCAATGT CAAATCTGAT TTATCGCAA CATATGATCA 1140
 GTATGAAATT AAAGTCGATC AAAATAAAGC GGCAGAAAAT GGTATTTCTG CAAGTCAACT 1200
 30 TGCAATGCAC TTGAATGAAA ACTTACCAGA AAAACAGTT ACGACTGTTA AAGAAAATGG 1260
 TAAACTGTT GATGTTAAAG TCAAACAAAA TAAGCAAACA GC 1302

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 323:

- 35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1003 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 40 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 323:

45 ATATATATTA ATTTAAACGT GTTTCACATG TACCAGTGTT AATGACAGAT AATGCTGCGT 60
 TTAAACCACC TTCAACAAGG TTTGTACTG CTTTCATCAGA GAAGAAAGCA ATATGTGGTG 120
 TTAATAAAT TCTTTCATGT TCGATTAAT CTAATAATGT TTTATCGTCA ATGTCTTTAT 180
 50 TAGTCCAGTC ATTTGTGAAG TATGCTGCTT CATTTTCATA AGTATCAATC GCAGCACCTA 240
 ACAAAGTACC ATCGTTCCT GCAGCGATTA AATCAGGTGT ATTGATGACT GCACCACGTG 300

55

GATAGCTTTC TTTGTTTCGCT GGAACATGTA AAGAAATAAT ATCGGCATCT TTAATAGCTT 420
 CTTTAACACT ATCTTTTATAA GTTAAAAAGT CTAAATCTTT ATTAGGATAG GCGTCATAAG 480
 5 CTGTAATTGT AGCACCAAAT CCTGCATATA TtTTAGCTGT AGCAGCACCG ATACGACCCG 540
 TACCAATAAT TGCAACAGTC ATATTTTTTAA CTGGTTTAGA CATGATTCTT GCTTGCCAAG 600
 TAAATCATG TGCTTGTACA CGGCGTTCAA TATCTGGGAA GCGACGCACT AATTGTAGGG 660
 10 CGATAGArAC AGAATACTCT GCAATtGTTT CAGGTGAATA ACTAGGAACG TTAGATATCA 720
 CAATATTGTG TTTTTTAGCT AAATCTAAAT CATACATATC AAATCCAGCA GTACGTTGTG 780
 15 CAATTTGTTT AATACCGTAA GATTCTAATT TAGGATAAAC GTCATTTTCT AACTTACCAA 840
 ATTGCATTGT AGTTACGCCA TCGTAATCTT TTAATTGAtC GACTGTAGCA CTTGATAATA 900
 GCTCTTTAGA AGTAGTTACT TCGACATTAT TCTtTtTCCC CCAATTTAAT GCCATCTCTT 960
 20 TCTCATAATC ACGCGTaCCA AAGAACATAA TTCTCGTCAT TAT 1003

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 324:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 5030 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 324:

GGCTTTTATA GTGTTTACGA TTATTATGAT TACTTATATT CACGCTGTTA AAAATTATCC 60
 35 AAATAACCGT ACTGTTTATT ATGGTTATAC AGCTGCATTT ATACTTGTTA TATTACAAGT 120
 TATCACAGGT GCATTATCTA TTATGACAAA TGTTAACCTG ATAATCGCAC TTTTCCATGC 180
 ATTATTTATC ACTTATTTAT TTGGTATGAC AACATACTTT ATCATGCTAA TGTTACGATC 240
 40 AGTAAGAAGT GACArGCAAT AACaAAAAAG cmAACCGTAA TTTTAATGGC ACGCCCATTA 300
 AAATTACGGT nTTTTATATC AATATTTAAA AtTAAACcTA AGCCATGTAA AAACGAGATT 360
 45 ACACGTCAAT TGTTGTGTAA TCTCGTTTTA TnTTAATCAT TTTAGTCAGT TGCTTTTTTCA 420
 ATTTGATTA ATAAATCGCC TGTCGCTATT GTGTCACCAT TATTTACAGT TACTTGTTTA 480
 ATCACACCGT CAAATGGTGC TTGAATTGTT GTTTCATTT TCATAGCTTC AGTAATTAGC 540
 50 AACGGCTGAT TAGCTTTTAC AGTTTCACCT AACTTAACCT TGACTTCAGT TACTGAACCT 600
 GGCATTTGAG CACCGATATG ACTTGGATTA CTCTTATCTG CTTTTGGCTT AACGTTGCA 660
 TTTGTATGCA CATTTTCATC TTTAATGTAA ATACGTCTCG CTTGACCATT CATCGCATAG 720

	CGTTTACCTT TATCGATTTC GATTTCTACT GTTTCACCAT TACGCATTCC AAAGAAGAAT	840
	GTAGGCGTAT CAAGTAACGA TAAGTTTCCG TATTGATTTC TAGTTTGAAT ATATTGTTCA	900
5	TATACTTTTG GATATAGTAC ATAAC TAATA ATATCTTGCT CCGTAACAGG ACCTTGTTGC	960
	TCTTCTTCAA GCAACTCAGG GACTTTTTCA AAATCAACTG GCTCTAGATA TTCACCTGGA	1020
	CGAGCTGTTA GTGCTTCTTG GCCTTTTAAA ATAACCGCTT GTAAATCTTT ATTAAAACCA	1080
10	TTTACAGGTT GTCCTATTTT ACCTTTGAAG AACGACACTA CTGATTCTGG GAAATCTAAT	1140
	TTATAGCCAT CTGTAATCAC GGATTGTTCA TCAAGATCAT TTTGTACCAT ATAAAGTGCC	1200
15	ATATCACCAA CTACTTTAGA CGATGGTGTT ACTTTTACGA TATCACCAAA TAAGAAATTC	1260
	ACTCTGCGAT ACATATCTTT GACTTCATCA AATCTTTCGC CTAAACCTAA ACTTTTAGCT	1320
	TGTTGACTTA AATTCCAATA CTGTCCACCA GGCATTTTCAT GTTGATAAAT TTCAGTATTC	1380
20	GGTGATTGTA TATCACTTTT AAAGTCTGAA TAATAAGTAC GTACAGTTGA CCAATAATGA	1440
	CTAAGTGACT CCATACCTTC AATATCAGTT CTAAGGTGGC GTGGGAAGCC ATTTAATGCA	1500
	TAATATAACG AATTGGCGCT TGGCTGACTT GTTAAACCAC TCATTGAAGC AACAGCAGTA	1560
25	TCAATGATAT CGACACCAGC ATCTATTGCT TGTTTGTATG TTAATAAACC ATTACCACTT	1620
	GTATCATGAG TGTGAAGATG AATTGGTAAA TCTACAGCTG ATTTTAACTC ACCAATCAAT	1680
30	TCGTAAGCGG CTTTAGGTTT TAATAAGCCT GCCATATCTT TAATCGCTAA AATATGGAAA	1740
	CCTTCACGTT CTAACCTCTT AGCTAGTTTG ACATAATACT CTAAAGTATA AATGTTTGAT	1800
	CGCTCAGGAT TTAATATGTC ACCTGTATAA CAAATAGTAC CTTCTGAGAT TTTGCCCCGCT	1860
35	TCTTGTA CTTCATTGGC AACTTTCATT TGATCTACCC AGTTTAATGA ATCGAAAATT	1920
	CTAAAGACAT CTATGCCTGC TTTAGCACTT TCTTGTAACGA ATTTATGAAT AACATTATCA	1980
	GGATAGTTTT TATAACCAAC TGCCTTTGAA GCACGTAACA ACATTTGGAA TAATACATTT	2040
40	GGAATAGCTT TACGTAGACG TTCAAGTCGT TCCCATGGGT TTTCCCTTCAA GAAATTATAT	2100
	GCCACATCAA ATGTAGCACC GCCCCACATT TCTAGTGAGA AACCATCTTT AAATACGTCC	2160
45	GCTGTTTTTG ATGCGATATT AATCATATCC TTAGTTCTAA CTCGTGTAGC TAATAATGAT	2220
	TGGTGTGCAT CTCTAAAGGT TGTATCTGTT AGTAAGACAT CATCCTGCTT TTTAACCCAT	2280
	TCAGCTACAC CTTTGGACC TACTTCATCA AGCAATTGTT TCGTACCACT AAATGAAGCG	2340
50	ATTTTACTTG AAGATACAGT TGGAATTGAT GCTAATTCAT AGTCTGGTTT CGGACGTTTC	2400
	TCAACATTTG GGAAACCATT AATTGTTACA TTACCTATAT ATTCTAATGT TTTAGTACCT	2460
55	CTATCTAGAG ACGGCTGAAT GTCGAAAAGT TCTGGTGTTT CTTCAATAAA TTTAGTTGTG	2520

	TTAACACCAC GAATACGCAT TTCTCGTAAT GAGCGTACCA TTTTCTTTC TGCTTGTTTA	2640
	AATGATATCG CGTGTGTAGA TAATTTTACG AGTAATGAAT CATAATAAGG TGATATCTCA	2700
5	GCACCTGGA AACCATCTCC AGCATCAAGA CGTACACCAA AGCCCCGCT TGAACGATAA	2760
	GCAATGATTG TTCCAGTATC CGGCATGAAA TCATTTAACG GATCTTCTGT TGTAATACGA	2820
	CATTGGATGG CATAGCCTAA TGTTGTAATA TCTTTTTGTT GCGGCATATT AATCTCTTCA	2880
10	CCAAATAAAT CGGCACCTGC TGCAACTAAA ATTTGTGTCT TAACAATATC AATTCCTGTT	2940
	ACCATCTCTG TAATTGTATG CTCTACTTGT ACACGAGGGT TAACCTCTAT AAAGAAGAAT	3000
15	TCGTCACCAG ATACTAGAAA TTCAACAGTA CCTGCATTGA CATATTTAAT ATTTTCCATC	3060
	AATTGAATTG CAGCATCACA AATACGTTGA CGTAATGTTG ATGATAATCC AACTGATGGT	3120
	GCAACTTCTA CAACTTTTTG ATGACGACGT TGTACTGAAC AATCACGTTT AAATAAGTGT	3180
20	ACGATATTTT CATGTTTCGTC ACCTATGACT TGTACTTCAA TATGCTTTGG ATTATCAATG	3240
	TATCTTTCTA TGTAAACTTC ACTATTACCA AATGATTTTT CAGCTTCTGA TTTTGCTCTA	3300
	TGGAAAGCAT CTTCTAATTC ACTTTCTTCA CGAACGATTC TCATACCTTT ACCGCCGCCA	3360
25	CCACTTGTGG CTTTAATCAT TAGCGGGAAA CCAGCTTCTT CTGCAAATTC TTTTGCTAAT	3420
	TCATATGATT TAATTGGACC GTCTGTACCA GGAATAACTG GTAAATCTGC CTTGATAGCC	3480
	GTTGTACGAG CTTTAACITT ATCTCCAAAC ATATCTAAAT GTTCTAAATG AGGACCAATA	3540
30	AATTTAATTC CTTCTTCTGC ACAACGACGC GCAAATTGTT CATTTTCACT TAAAAATCCA	3600
	TAGCCAGGAT GAATCGCATC CACATTGCTT TGTTTTGCTA CATCAATGAT ACGCTCAATA	3660
35	TTTAAATAAC TTTCAGCAGG ACCTAAATCA CTTCCAATA AATAGGATTC ATCTGCTTTA	3720
	TATCTATGTA ATGAACTTT GTCTTCATTC GAATAAATTG CAACTGTGCT GATGTCTAAT	3780
	TCTGCCGCCG CTCTGAATAT ACGAATTGCA ATTTCTCCAC GGTTAGCAAC AAGTAACTTT	3840
40	TTTATTTGTT TCAATAGCGA TACACTCCTC AAACCTATTAG AATTTTCTAA CTAATTAGAT	3900
	AATAAAATTT TATCTTAAAG CGCTCTGTTT TGCTATAGTt mTGTTTCmAA TTTTCAAaT	3960
45	TTaACATyCT tGAGACAATT AAAaCCyCCG CTTcmGaAAT AATAATTTCA AAAATGACTA	4020
	TGCAACAACA GGTAGTTCCA CGTTTTTGTT GTGAAACATT TTCGATTTCT ACAACTCTAA	4080
	AAAATTAAAA ATAAATTCG AAAACATCAA CATTTATTAT CAATAGCGAT AACTTTATCT	4140
50	TATCATCATG ATTCTAATTT CGCCACCACA TTTAGTAATT TTTAGTCATA AAATTTAGTT	4200
	ATAATTATAC GTTGTTTTGT TTATAAAATT TGATAATCak GAGTAATCtC GTAATATCAA	4260
55	AACaAAAAGG AAGTTAAGCG TTGTTTGGTT GcCTAACTTC CGTTATTGAA CTCATCcAGT	4320

	TCTCGTACTA AATATTGGCT AGTATTTTTT TAATTAAATT GTCTTCTTAT ATCAACTTTT	4440
	TGTTGTTGTT TCTTTCGTTG CTGGTCTACT TTGATTTGTT TACCTACAAT CAGAAGTAAA	4500
5	CCCATAGCAA TACTTAAACT AATCATTGAT GATCCACCAA AGCTGATAAA TGGCAATGGC	4560
	ACACCAGTTA ATGGAATTGT TGCCGAAATA CCGCCAATGT TTACAAACGT TTGACTTCCA	4620
	AAGTATGTGG CAATCCCAAC ACACACAAGT TTATAAAAAT ATGATGATGT TTTATTGCA	4680
10	AACTGGAAGG CACGATATAC AATAAAGAAC TCTAAAGTAA TAACTAGCAA TCCTCCGATT	4740
	AAACCTAATT CTTGCGAAAT AATTGCAAAA ATAAATCTG TATGTGGTTC TGGTAAATAG	4800
15	CCCAATTTCA TTGCACTATT TCCTAATCCT TTTCCAAATA CGCCACCGTT ACCTATCGCA	4860
	AGCAATGAAT TGGAAATATG GTATCCAGTT CCTGATTCGA ATTGGAATGG ATCTGTTAGC	4920
	GTACTAAATC TGGCAGTTAA ATAACCTGGT AACCAACCAG CCATTAATGC AATGACAAAT	4980
20	ACTACTAAGA ATCCTAGCAC TGCTGGTATA CCAAATCTTA GGACTTTGTT	5030

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 325:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

25	(A) LENGTH: 1389 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
	(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 325:

30	CTTGTTAATC CGAAAATTAT TAGTCAATCA AATGAAACAA TAACAGACTT nGAAGGTTCA	60
35	ATTACATTGC CAGATGTTTA CGGCGAAGTG ACAAGAAGTA AAATGATAGT TGTCGAAAGT	120
	TATGACGTCA ATGGGAACAA AGTTGgACTA ACTGCACATG aAGATGTAGC AAGAATGATT	180
	TTGCATATTA TAGATCAAAT GAACGGTaTC CCTTTTACAG AACGTGCGGA CCGTATTTTA	240
40	ACAGATAAAG AAGTGAGGC ATATTTTATA AATGACTAAA ATAATATTTA TGGGTACACC	300
	AGACTTTTCA ACAACTGTTT TAGAAATGCT TATTGCAGAA CATGATGTCA TTGCAGTCGT	360
	AACGCAACCA GATCGACCTG TTGGACGTAA ACGTGTTATG ACACCACCAC CAGTTAAAAA	420
45	AGTTGCAATG AAATATGATT TACCTGTATA TCAACCTGAA AAATTAAGTG GATCAGAAGA	480
	ATTAGAACAA TTGCTTCAAT TAGATGTAGA TTTAATTGTA ACTGCTGCTT TTGGACAATT	540
50	ATTACCTGAA TCATTGTTGG CATTACCAAA TCTTGGGGCA ATTAATGTAC ATGCATCATT	600
	GTTACCGAAG TATAGAGGTG GTGCACCAAT TCATCAGGCA ATTATCGATG GTGAACAAGA	660
	AACCGGCATA ACAATTATGT ATATGGTTAA AAAATTAGAT GCGGGTAATA TTATTTCGCA	720

ATTAGGGGCA GATTTATTAA AAGAACTTT ACCATCTATT ATAGAGGGCA CAAATGAAAG 840
 CGTACCTCAA GATGATACGC AAGCAACATT TGCTTCCAAT ATTCGACGCG AAGATGAGCG 900
 5 AATTAGCTGG AATAAACCAG GAAGACAAGT GTTTAATCAA ATTCGTGGAT TATCACCATG 960
 GCCAGTTGCT TATACAATA TGGATGACAC TAACCTGAAA ATATACGATG CTGAACTCGT 1020
 TGAGACTAAT AAGATAAACG AGCCTGGAAC CATTATAGAA ACGACTAAAA AAGCCATTAT 1080
 10 TGTGCTACA AATGATAATG AAGCTGTTGC AATTAAAGAT ATGCAATTAG CTGGGAAAAA 1140
 GAGAATGTTA GCTGCCAATT ATTTAAGTGG TGCGCAAAAC ACACTAGTAG GGAAGAACT 1200
 TATATGATAG AAAACGTGAG AAGTCTTGCT TTTGACACGA TTCAAGATAT ATTAAATGAA 1260
 15 GGTGCGTATA GTAACCTGCG TATCAATGAA GTGTTGTCAG AAAATGAATT AAATGCAATG 1320
 GATAAGGCTT TATTTACAGA AATTGTCTAC GGAACCGTTA AAAGAAAATA TACGTTAGAT 1380
 20 TTTTATTTA 1389

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 326:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2746 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 326:

TTTGCTAATA ACAATAAAGC CAAAGCCGAT TCACACTCTA AACAGCTAGA AATTAATGTT 60
 35 AAGAGTGACA AAGTACCTCA AAAAGTAAAA GATCTAGCAC AACACAATT TGCTGTTAT 120
 GCTAAAGCAT TAGATAACA AAGTAATGCA AAAACTGGTA AATATGAACT TGGCGAACTT 180
 TTAAAATTTA TAAATTTAAT GGTGAAGAAG ATAATAGTTA CTATTATCCA GTTATAAAAG 240
 40 ACGGTAAAT TGTTTATACT TTAACACTTA GTCCTAAAAA TAAAGATGAT TTAACAAAT 300
 CAAAAGAAGA CATGAATTAC AGTGTTAAAA TTTCAAACTT CATCGCTAAA GATTTAGACC 360
 AAATTAAAGA TAAAnATTCA AATATCACTG TTCTTACTGA TGfAAAAGGG KTTTATTTTG 420
 45 aAGAAGATGG cmaAGTTAGA TTAGTAAAAA CTACGCTCT ACCTGGTAAT GTAAAAGAnA 480
 AAGAAAGTGC TAAAACAGTT TCAGCAAAAT TGaACAAGA GTTaAAAAAT ACAGTAACAC 540
 50 CTAATAAGT TGAAGAAAAC GAaGCGATrC AAGAAGATCA AGTTCAATAT GAAAATACAT 600
 TAAAAAACTT CAAAATTwGA GaACAACAAT TCGATAACTC ATGGTGTGCA GGATTAGTA 660
 TGGCAGCATT ATTAAATGCa ACTAAAAATa CAGACACTTA TAATGCACAT GATATTATGC 720

	AAATGATTGA ATACGGTAAA TCACAAGGCA GAGATATTCA TTATCAAGAA GCGGTACCAT	840
	CATATGAACA AGTTGATCAA CTTACAAAAG ATAATGTAGG AATTATGATC CTTGCACmAA	900
5	GTGTATCTCA AAACCCTAAT GACCCACATT TAGGACATGC GCTAGCAGTT GTTGGTAATG	960
	CTAAAATTAA TGACCAAGAA AAACCTATTT ACTGGAATCC TTGGGATACA GAaTTATCAA	1020
	TCCAAGATGC AGATTCAAGC CTATTACATT TATCATTCAA TCGTGATTAT AACTGGTATG	1080
10	GTTCAATGAT AGGTTACKAA AAAGTAATAT AGATATTGAT TAAAGGCAGG TAAAACTATG	1140
	TATCAACTAC AATTTATAAA TTTAGTTTAC GACACAACCA AACTCACACA TCTAGAACAA	1200
15	ACCAATATCA ATTTATTTCAT TGGTAATTGG AGTAATCATC AATTACAAAA ATCAATTTGT	1260
	ATACGTCATG GCGATGATAC AAGTCACAAT CAATATCATA TTCTTTTTAT AGATACGGCA	1320
	CATCAACGCA TTAAATTTTC ATCTATTGAT AATGAAGAAA TCATTTATAT TCTTGATTAT	1380
20	GATGATACAC AGCATATCCT CATGCAAACG TCATCCAAAC AAGGTATTGG CACTTCGCGA	1440
	CCAATCGTTT ATGAGCGCTT AGTATAACTA ATTTAAATGA TTTCACTTCA TAAAGCGGGT	1500
	TGGCGAGAAT TCAATTTCTC ACCAGCTCGT TTTTTCATTG TAATAATAAT CTTTAACATT	1560
25	TATTCTTTCT CTATTAATTT TTCTCAAAC ATCTTATCTT TATGATAATT AATTAAAAATG	1620
	CCCTTTTAAA TTCTTATAAA ATAAAAAGC CACCTATCGT CGCTAATAAA CGACGCAAGT	1680
30	GACTTAATAT CATATTCAAA ATAACCTATG GGAATTTAGG GAATTGATCG AAGTCAGGAT	1740
	CACGTTTTTC TTAAACGCA TCACGGCCTT CTTTCGCTTC ATCAGTTGTG TAATAAAGCA	1800
	ATGTTGCATC CCCAGCCATT TGTGTAAAC CAGCTAAACC ATCTGTGTCA GCATTCATAG	1860
35	CTGCTTTAAG GAATCGTAAC GCTGTGGTG AGTGTTCAT AATCTCTTTA CACCATTGCA	1920
	CAGTTTCATC TTCAACTTTC TCTAAAGGTA CCACTGTATT TACTAGACCC ATATCTAAAG	1980
	CTTCTTGTGC ATTGTATTGA CGACATAAGT ACCAAATTTT ACGTGCTTTC TTATGTCCAA	2040
40	CGATACGTGC TAAATATCCT GAACCATAAC CCGCATCAAA TGAACCTACT TTAGGACCAG	2100
	TTTGTCCAAA AATAGCATTG TCAGCAGCAA TCGTTAAGTC ACAAACAACA TTTAGTACAT	2160
45	TACCGCCACC TACAGCATAA CCTTTTACCA TCGCGATAAC CGGTTTTGGA ATAATACGAA	2220
	TTAAACGCTG TAAATCTAAT ACATTTAAGC GAGGGATTG GTCTTCACCT ACATAACCAC	2280
	CATGTCCACG TTTCTTCTGG TCACCACCAG AACAGAATGC TAAATCACCT TCACCAGTTA	2340
50	ATACGATAAC TGAAACGTTT TGATCATCAC GTGCACGTGA AAATGCGTCA ATCATTTTCAG	2400
	CAACTGTTTT AGGTGTAAAC GCATTGCGTA CTTCAGGGCG ATTTATTGTT ACCTTAGCAA	2460
55	TCCCTTCGTA AAATTCATAT TTGATTTTAT CATATTCTCT AAGTGTTTCC CATTGTCTGT	2520

TCCACATGAA TTGTATGACC TGTAGCAGAA ATTAATTTAC ATTTACTATT AGGAATTAAA 2640
 TTTGCCATTT TTTTCGCAAT CTGTACAAAT TTTTCATCAT ATTCTCCAGC TAATATTAAT 2700
 5 GTTGGTACTT TAATTTCTtT CAGCGCGGCC ATAAGTTTGG CATTTG 2746

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 327:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 900 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 327:

TAATGTTTAG TTTATTAACA GTAAGTTCGT ATATCAATGT TTAGTGCTCC CCAAATTGA 60
 20 AGTTTGAATT TTAAAAGCAT CTGTAGAAT TTAGTTGTAT TTTTTTCAA GAAATTCATT 120
 TTGATTATTT TTGATAATGA GCATTTTAAT AGTAATACAT GTTTATAGTG TGTAGTATAT 180
 GTCTATACTA GTAGTAACTA TATAGAGAAA GTAGGAATAA ACTATGTCAC AAGATGTAAA 240
 25 TGAATTAAGT AAGCAACCAA CGCCAGATAA AGCAGAAGAT AACGCATTTT TCCCATCACC 300
 ATATCCCTT AGTCAATATA CAGCACCTAA AACAGATTTT GATGGTGTG AACACAAAGG 360
 TGCCTATAAA GATGGTAAAT GGAAAGTATT GATGATTGCT GCTGAAGAGC GATATGTATT 420
 30 ATTGAAAAT GGAAAATGT TCTCTACGGG TAATCATCCT GTTGAAATGT TATTACCTTT 480
 ACATCATTTA ATGGAAGCAG GTTTTGACGT TGATGTTGCG ACATTATCTG GTTATCCAGT 540
 35 TAAATTAGAA TTATGGGCTA TGCCAACTGA AGACGAGGCA GTTATAAGTA CTTATAATAA 600
 ATTGAAAGAA AAATTAAAC AGCCAAAAAA ATTAGCAGAT GTGATTAAAA ATGAATTAGG 660
 ACCTGATTCA GACTATTTAT CTGTCTTTAT CCCAGCGGGA CATGCTGCAG TTGTTGGTAT 720
 40 TTCTGAAAGT GAGGACGTTT AACAAACATT AGATTGGGCA TTAGACAATG ACCGCTTTAT 780
 AGTTACATTA TGTGATGGAC CAGCAGCACT ACTTTCAGCA GGGCTTAACA GAGAAAAATC 840
 45 TCCATTAGAA GGATACTCTG TTTGTGTCTt CCCTGaCTCA TTAGATGAAG GTGCAAATAT 900

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 328:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3642 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

	ATCTGAnTnG AGATAGTGAT AATGIGTCAC CcAATTTTaA AcCtTTATTT TTaAGcGtTT	60
	CaTCaGCTAA CaCtTCaTTa TcTTAGtCG cTTTATGcCC tTcATTAAA CtCGGaACTa	120
5	AAAATGaTga CtTTTCAACa CCGAACaCTA AAACaTTGtC tTTTGTATGG CcATTAGACA	180
	CAATTTCCCC TGTTTGCTTC AAAGTAGCTT GCTTCTTGTA TTTATTTTCA ATATCTTTCT	240
	TGTTAAAAAC AGATTGTTGC ACAGTTTGAT TGGCATCTTT ATTTAGAACA ATGGCATCTG	300
10	CTTGCCACTT ATCAATGCCT TCTTTATTCA TATTGATAAG ACCATTGCGC AATCCAGATA	360
	ATAAAATAG CAAGTAACTA ATCATCGTTA ACACACCAAT AATTAGTCCA AACTTCAATT	420
15	TGTTGCGCCG TATTTcATTc CAAGCTAAAA ACATGCATTT CTCTCCCTAC TACTATGATT	480
	TAAACATTGT TTATATTCTT AGATGCACGT ACGTCGTGTT GCGCTCTGTA ATGTTATACA	540
	TACACTTATC CTTCATTATA CCCGAACTTT TTATATTAAA AGCAAATTTA TGGAAAATGC	600
20	AATTAATTGT CTATTATTTT TGTACGGTAC ATTTAAAAAT AAGGATCAAT TTAAAAACGC	660
	CTACATATAC CTTTAAGTAC ATGTAGACGT CCAATTCATA TATTATTTAA CTTGCGCTGT	720
	TTTAGGATCG AATTGCTTAA TAGCATTTTT ACGTAATTTA TCTTTTGCTT TrTCACTTGC	780
25	TTTATAGTTA TTGTTGTAAA TCGTAGCTTC CCAACTACCA TACATTGGGT TAGGGAAAAT	840
	GATATATTTc TTACCGAAAT CGTCTTTATG TTTTTCAATT AATGCTTCAC GAGATTcAGC	900
30	TGTAGCTTCT TTTGGATCTG TAAAGTCTAA TAAATTATCT CCAAATAGCA TGACAAGTTT	960
	ATGATCCTTT TGAACCATTT GTCTGCGTGA TTCTTTACTC TTATCATCTT TACCTTTTAG	1020
	TAAAATATGA CTCTCTTAG CTTGAGGGAT ACCTTGTTGT TTTAAGTTCT TTTGTGTTGC	1080
35	CTTTAAATCT TTTTCTTTAT CTCTATCAGA AATATAGTAG ATATCGACAC CTTTTTTGTC	1140
	AGCATATTTc AAGAATTCIT TTGCGCCATA GACAGGTTTA GCTTTAGCAG cTTGTACCCA	1200
	TTCATGCCAA CCTTCTGGGA AAGGTTTATT ATGTATTGAT GCATAGCCTT GATATGGAGA	1260
40	ATTATCTAAA ACTGTTTCAT CTAAATCCAA AGCAATAGCT AACTTATGTT TACCTTTATT	1320
	CTTTTAAATC TCTTTATCTA ACTGTGTCTT TGCACTGTTA TAACCTTGTA AATATAATGC	1380
45	TTTTGCTTCA GCTGAATTTT GATACCAAGC CACTGCCATA ATATTTTGAT TACCAAGATT	1440
	CGCCTTTTGT GATGCTGGTA TAGAAGCTTG TTGCGTTTGT TGAACCTCAG CAGAACTTTT	1500
	GGCAAACGCT GTAGAATTTG TCGTTTGTGG TGCTGAAACT GTAACCGCTA CCGATAATGA	1560
50	TGCTATTGCA ATATACTTTG AAATTTTATT CATCTTATCA CCTCATGATT AATATTTAAA	1620
	ATACAGTTAA AATTATAAAT GCATTTATTT AATATTGCTA TACTATGAAA AGATATTTAA	1680
55	TATTATTTCT TGgAAAAGCT AACAAATATG TGAACATTTc ATATAAGCAT GATTTAATGG	1740

EP 0 786 519 A2

	GTGACTAGGC CTTCCCTATCA GACATATTCA CTCATCCACG TATCATTATG TGTACAGTGT	1860
	GCTATCTCTT ATTTACCTAT TGGAAACAACC ATAAACTCAT CCATAGTTTA CCTTTTATAA	1920
5	ATAGCAGTCC TCACTCATAC AATTTCTCAT AAAAATCACA ACGCTCCAAC GTATTTCCAA	1980
	CTTACTTTCA CCTATTTTAA TTCATAAAAA CGACACTTTA ATTGTCATTA TCCAATAATA	2040
	GCAAGACGTT ATTATTGCAA TCTTTTTTAT AAAATAATAG AATCATAGTA TTGTCATTTA	2100
10	AAGATAAAGT AAGAACGTTT TTATTTTTC A GATTTTTTTAA ATTATTATGA ATATCTAGTT	2160
	TTAGGAAGGA AATTACATTG AAAAAACAAG TTATTATTTT GGGCCTCATG TTATTTTCAC	2220
15	TATTTTTTGG AGCCGGAAAT TTAATATTCC CGCCCATGCT TGGCCATACA GCGGGTCAAA	2280
	ATATGTGGAT TGGTATGCTA GGCTTTGCCC TTACAGGCAT ATnACTCCCC TTTATTACTG	2340
	TTATTGTTGT TGCATTTTAT GATGAAGGTG TTGAAAGTGT AGGCAATCGT ATACATCCAT	2400
20	GGTTCGGGTT TATTTTTGCT GTCGTGATTT ACATGTCTAT CGGAGCATTT TACGGTATTC	2460
	CACGTGCTGC AAATGTCGCG TACGAAATTG GTACAAGACA CATTTTACCT GTGCATAACC	2520
	AATGGACTTT AATTATATTC GCAGCAATCT TTTTGGCCAT CGTTTACTGG ATTAGTTTAA	2580
25	ATCCATCGAA AATCGTTGAT AATTTAGGTA AATTATTAAC ACCGTTATTA CTATTAATGG	2640
	TCGCTCTATT AAGTATTGCT GTCATTTTCA ACCCTGAATC TGCACTAAGT GCACCTAAGG	2700
30	ATAAATATAT AACACATCCT TTCATTTTCAG GAAGTTTGG A AGGCTATTTT ACAATGGATC	2760
	TTGTTGCTGC GTTAGCTTTT TCCGTAGTCA TTGTCAATGG CTATAAGTTT AAAGGCCTCA	2820
	CAGATCGCAT GAAAATTTTA AAATATGTCT GCTTTTCAGG TCTTATTGCA GCCATATTAC	2880
35	TTGGAATGAT TTACTTTGCA CTTGCATACG TTGGGGCATC AACAGCTCCA GGAAACTTTA	2940
	AAGATGGTAC AGATATATTG ACGTACAAC TATTACGATT ATTGCGTTTCG TTCGGTAACC	3000
	TCGTATTTGG AATGACGGTT ATCCTTGCAT GCCTAACAAC ATGTATAGGA CTCGTcAATG	3060
40	tTGCGCCACA TTTACTAAGA AACACGTACC TAAGTTTTCT TATAAAATAT TCGCACTTAT	3120
	TTTctCTATC ATAGGGTTCT TATTTACAAC ACTTGGTTTA GAAATGATTT TAAAAATTGC	3180
45	TGTCCCATTA TTGACTTTAA TATATCCCGT GTCGATTGCA CTTGTACTCA TATCATTTGC	3240
	TAACATGTTT AGCACATTCA GATTCAGTTG GGCCTATCGA CTCGCAACTG TTATTACATT	3300
	GATTATTTCA ATTTTACAAA TACTAAATAG TTTCAACTTA TTACACGGTG TTATTTTGAA	3360
50	ATCGTTTATG ATGTTACCTT TAGCAGATAT CGATTTAGCT TGGCTTGAC CATTcATGCT	3420
	CTTTGCTATT ATCGGTTTCA TAATCGATGT ATTTATACGC CGTCCGAAAC AAGCGACAAC	3480
55	TTAATAAATG CTCACTGCCT AGTAATGATT GACCCATCGT TACTAgGCTT TTtATATGA	3540

TAAAAAATCC TAGCTGTTAT TCAAAAATAT TAGTTTTTAA AA

3642

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 329:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2187 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 329:

15	TTATTGATAT TGAAAATTCA AAAACTGCAA CACATCTTAT CACTAAAAAC CAACACTATC	60
	ATCAAACTGA CACTCATTTT GAACAGTATA AGAAATTTAT TTTAGATTCA GGTATATCAT	120
	CAACACAATT TGTATATAAT AACCTGTCTG TAAGCGGATT TAAATATACT AATGATGGTA	180
20	AGAATCCAAT TCAATTATCT GACATAGTGT ATCACTTAAT CGCATTATTA CGATATGGCG	240
	GTGGCATTAG CTATCAATTA TTAGATGACC ATTCAAATTA TATTCCTTG TACAACAAAT	300
	ATGGTAGCCC CCTACCATT A TGCAATTTAT ATAAATGTT TAGACCTTTT GTTAATGAAG	360
25	ATATTGAAAT TACAAATAAT TATGTATTGA GTCGTAAAGA TAATAACTAC CATTTCTTAT	420
	TATTCAATAA AATTAATGAT CGATATATGT CAGACGTAAA ACAAGATTTC ATTTTCCATA	480
30	ATGAATTACC TCAAGACTCT TTGATGATTA TTAAACATT GAATCATGAA CATGGTTCAA	540
	TTCAACATTT GCTTCCAATA AGCGATCAAC TTGTTTATAT AGAAAAAGAA ATTTTAGATG	600
	AATTAGACAA AACGAATTAC CCTAAAACGG AGCTTGCAAGT TCAAGAAGAA ACTGGTCGTA	660
35	CATTTGAACT CAAGTTAAAT CACGACGAGG TTAAATATAT TTGCTTTAAA CCAAGCTAAA	720
	TACTAACAGT CCTCTGTGT TTAGTTTCTT ACGTTAAAGG CTATTTATAT CATAAGGAGA	780
	TGATTTGTAA TGAGTAACTC ACAAGCAATT CAAGCAATTG AAAACGTGTT AGTAACGTCA	840
40	AAAGTTGGTG TATTATCAAC TGCATATAAT AATAAaCCTA ATAGTAGATA TATGGTCTTT	900
	TATAATGATG GTCTTACTTT ATATACTAAA ACGAATATCC ATTCTGCTAA GGTCAAAGAA	960
45	ATTAAAGATA ATCCAGCAGC ATATGTTTTG TTAGGCTATA ACGACACAAC TAATCGTAGT	1020
	TTCGTTGAGA TGGAAGCGAC AATCGAAATC GTTACAGAAC AAGAAGTGAT TGATTGGCTA	1080
	TGGGAAACAC AAGACAAAAG CTTTTTCAGT TCAAAAGAAG ACCCAGAGTT ATGTGTTTTA	1140
50	AGAGTAGTTC CGCAATCCAT TAAGCTAATG AATGATAAAT CATTAGATAC ACCTATCAAA	1200
	ATCGATTTAT AACACAAAGT GTATATAGGA AATAACTTTT ATGAATTCTA GATATAACAA	1260
55	TGTTAAATAC TTAAAATAAC TCGCTATAAT TAAAGTGTTT AATATGTTTA CAATTCAATT	1320

TTTAAATTAA TTTTATGTAA TATAAATACT GCATTTGCAA ACTGTTGCAC TTTTAGGTAT 1440
 AACAGAATTA ACTACATTTA AGGAGATTGA TGAACCATGA AAAAGAAAAA AGGTTTGGT 1500
 5 CTTGGTATTA GTTTAATCGC CATCATGTTA ATTGTATGTA TTGTATTAGT AATCATGATG 1560
 ATGACTGGCG GAAAGAAAGA TACATACTAT GGAATTATGA AAGATAATAC TACTATTGAA 1620
 AAAATGATTA GTGAAAAAGA TGAAAGTATT GAAAAAATG TTAAATTACC TTCAGATTCA 1680
 10 GATGTTAAAG TTAATAAAGG TGATTTTGTA ATTGTTTATA AATTAGCAGA TTCAGATAAA 1740
 ATTGTTAAAG TTAATAAAGT TGACCATGAC GATGTACCAC ATGGTTTAAT GATGAAAATT 1800
 15 CATGACATGG GCAAAATGCA CATGAAACAC TAATTGTAAT TTAAATTACA AATTTTAGTT 1860
 GCCATCAAGG TATATACGAG TAAAGCAGC GGTAAGTTGA TTTCCAATTT GGAATCATTT 1920
 TACTGCTGCT TTTTATATTT GAAATACTTT CATATTGAAT AGCTCCACTT GCCGTTGCGC 1980
 20 TgCGCTTTGC GCATGCATAA AAGCCCCTAA CAACCTGAGG TCACTGCGCT CCGGTTGCGC 2040
 TGCGCTTTAG CGCATGCATA AAAGCCCCTA ACAACCTGAG GTCACTACGC TTCGGTTGCGC 2100
 CTGCGCTTTA GCGCATGCAT AAAAGTCCCT AACAACCTGA GGTCACTACG CTTCCGTTGCG 2160
 25 CCTGCGCTTT AnCATGGCCA TAAAGC 2187

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 330:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1788 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 330:

CCnCCTTTTT AAACCTGGnG AAATGtmCAG tTTTGATGGt ATTGGGtTCT TTAGTATTAT 60
 40 GCTTAAGATA GAGTGTAATA CGCTCCTGTT GTTCTTTATA GTATATTGCT TTTTGTTTTT 120
 CTTTTTCGTC ATATTTTCACT TTAAATAAA TGACTGATGC AACTATACAT ATACATAAAA 180
 45 TGACACCAAT AATTATAAAA ACATGTTTTT TGTTCAATTA AGTAACTCCT AAAATGTGGT 240
 GGAAAATGAA AAAATTTTAA TAATCTATAA TTATGAACAT TACAGATTAT AAACCATAAC 300
 ACTAACATCG TCGCCTTCAT TAACTTGATT GTTAAATCA GCAATTACTG AGAATTGTAC 360
 50 AAGGAATAAT TGCCTATTAT GCCCTCATGT AATTATTGCC TTACTAACAT TAACAAAATC 420
 GATAGCTATT ACATTAAATG CCTATACCCC AGACCTCAAA CACCTTTTAA TACAGGACGC 480
 ACTGTAATTT CATyyACGTT AACGTGCTTT GGTGTGTGTA ATGCATATAA TACTGCTTCT 540

GTATCTACCA TTCCTGGAGA AATGCTTGTT ACTTTAACGC CTGTCTTTGC CAACTCTTTT 660
 TCTAATCCTT GAGTAATAGT GTGAAGTGT GCTTTCGTCG CACTATAAAT CGTACTACTT 720
 5 TTCGTTACTT CAAAGCCAGA AATAGATGcA ATGTTAATAA GATGGCCACT TGATTGTTCT 780
 AACATAGTTG GTAATGCAGC CTGTGCCGTA TATAAAGTGC CTTTGATATT CACATCAATC 840
 10 ATACTATCCC ACTCATCTAC TTGATAATCA GTAATCTTAG ACGACAACAT TTGCCCCGCA 900
 CTATTGATAA CAATATCCAA ACCACCGAAT GTTTGTTGTG CAATTTTTAT CAATTCATCG 960
 ACTTCTTCTT TATTCGTTAC ATCTGTTGGC ACTACCTTCA CACTATCTTG TGACAATTGA 1020
 15 TTCGCTACGT TTTGTAATTT TTCTTTATTT CTACCTGCTA AGACAACTTT TGCCCCTTCT 1080
 TCATGTAGTA ATGTTGCAAT TGCTTCTCCA ATACCACTAC CTGCACCTGT AACTACTGCT 1140
 ACTTTATCTG TTAATACTGT CATAATGATC GACTCCTTTG ATTCTTTTTA TTTTTCAGG 1200
 20 GTAAATCATA AATACATATT ACTTTTAAAA AGCGTATCAC AATTCATATA ACGGTCATAA 1260
 TAACTCGCTT CATTTTCATA GATAAATTAC ATTACAAGCC ATTGAAACA TACAATTAAT 1320
 CGTTGCTTAT ATTTTTTATT TTTAAAAATG TTGAAAAATC GTCACTTCTT TATTGTAAAA 1380
 25 ACATTATATT AGTAATAAAG TTAATACTGT GnATTTaTCA TTCGATTGAA TGATTAGAGG 1440
 GAGGAATAAA ACgTGACATA TCATGAGCGT GTTTTAGCAT TAAGAGCAGA AAGTAAAAGA 1500
 30 ACCGCATTTG ATTTTCGATT CGAAGATTTA TTTAGCAAAG AAGAATGGcT AAGTATGTCT 1560
 CTTGCAGAAA GACAAAAAGC TGAAAAAGCA TTTGACACG AgTTAAAAAT ATGGACGATG 1620
 TAAGAATGCC CTTCTCAAGT GTCCATGACG CCAAGTAAA ATTATATAAT GTTGTATATT 1680
 35 CTTATAACGG CaTTAAACGT AATTTTAAAC AAGTTGAAAA TGAAGGATT CTAATATCAT 1740
 TTCGTTTATA TATnGCAGAC CATGGATAGA ATTTTnTATG GTnaATCC 1788

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 331:

- 40 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1341 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 45 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 331:

50 TAAGCCAAAT CCATTGTTAC CAGAAGAAGT TCGCTTCATC TTAAAAACAAA TGGGTCTTAA 60
 AGAAAAGACT ATCGATGTTG AACTCGAAGT TGGCGAGCAA GTTCGTATTA AATCAGGTCC 120
 55 ATTTGCGAAT CAAGTTGGTG AAGTTCAAGA AATTGAAACA GaTAAGTTTA AGCTAACAGT 180

GCTTTAATTA ACAATTAAAG TTATTAACT AACCAAAAGA TAAAAAAGAG TATTGATTTT 300
 TTAATTAGAA AAGTGTTAAA ATTATGTGGT cGcGCTTTTA GAGCGCCCAT TTCGTcACGA 360
 5 AATGTTAAGA GTGGGAGGGC AAAACTGAGC CCTGTGACCA CATCACGATA TCAAGGAGGT 420
 GCACATCGTG GCTAAAAAAG TAGATAAAGT TGTTAAATTA CAAATTCCTG CAGGTAAAGC 480
 GAATCCAGCA CCACCAGTTG GTCCAGCATT AGGTCAAGCA GGTGTGAACA TCATGGGATT 540
 10 CTGTAAAGAG TTCAATGCAC GTACTCAAGA TCAAGCAGGT TTAATTATTC CGGTAGAAAT 600
 CAGTGTTTAT GAAGATCGTT CATTTACATT TATTACaAAA ACTCCACCGG CTCCaGTATT 660
 15 ACTTAAAAAA GCAGCTGGTA TTGAAAAAGG TTCAGGCGAA CCAACAAAA CTAAAGTTGC 720
 TACAGTAACT AAAGATCAAG TACGCGAAAT TGCTAACAGC AAAATGCAAG ACTTAAACGC 780
 TGCTGACGAA GAAGCAGCTA TGCCTATTAT CGAAGGTACT GCACGTAGTA TGGGTATCGT 840
 20 TGTAGAATAA TTTTACGAAT ATTAAATTTG ATTACATGAT TTAAACGATG AAGCAGATAA 900
 CAGAGATAAT AATGATGAAT TATAAATATA ATCTGAATGA CTAGATTAAT GATTGATTTA 960
 TTCATAAGAT TAATTCTTCT GTTGTCTGcy CTTAACTTGC ATATAGCAAG TAATGTGGGA 1020
 25 GGAAATTCCG CTAAAACCAC TAAAGGAGGA ACTATAAATG GCTAAAAAAG GTAAAAAGTA 1080
 TCAAGAAGCA GCTAGTAAAG TTGACCGTAC TCAGCACTAC AGTGTGAAG AAGCAATTAA 1140
 ATTAGCTAAA GAAACAAGCA TTGCTAACTT TGACGCTTCT GTTGAAGTTG CATTCCGTTT 1200
 30 AGGAATTGAT ACACGTAAAA ATGACCAACA AATCCGTGGT GCAGTTGTAT TACCAAACGG 1260
 AACTGGTAAA TCACAAAGTG TATTAGTATT CGCTAAAGGT GACAAAATTG CTGAAGCTGA 1320
 35 AGCAGCAGGT GCTGACTATG T 1341

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 332:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

40 (A) LENGTH: 5136 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 332:

CTCTAAATCT TCAATAGGTA ACTTCATTTT AATAATTCCC ATTTGAACAA TTGCTTCTTC 60
 50 ATCATTGACA ATTTCTAAAA CTTCAACCCTT TTGACCGTAA GAKAATACTT TkACTTCATC 120
 ACCAGCAACA ATTTTATCGT ATTTTGTCTT TTGTACATTT TGCTTTATAG ATTTGCTTC 180
 ATAATGATCA TCTAATCGTT TCTTCTTATC AATCAATTCA TGTTCTTTAA CATCTGCACC 240

EP 0 786 519 A2

	CTTAATCTTC	TGATTGCTT	TkTCTTTTCGC	TTCCTCTATT	AGAGACTTTT	CATAATTTTG	360
	GAATTGTTGA	TACTGCTTAG	ATAAATCATC	ATGCACTTGT	CCGCKtskTT	TACAAGACGG	420
5	TCCAGkTCTA	ACCTCTGTGT	CTCTACACGT	TTGTAATTAC	GCTCTAATGA	TTCAATCATT	480
	TCATTTATTT	CTTTTTCATC	AGTACCAATC	ATCGTCTTAG	CCTTATTAAAT	AATATTCAAA	540
	CTAAGACCTA	ACTTTTTAGA	AATGTCAAAA	GCATTTGAAC	GACCCGGCAC	ACCCATTAAT	600
10	AACTTATACG	TTGGACTCAA	AGTATCTACA	TCAAATTCTA	CACTCGCATT	CATAACGCCT	660
	TCTCGATTAT	AACTATATGC	TTTAAGTTCA	GGATAGTGCG	TCGTTGCCAT	TACTAGAGAA	720
	CCAATTTTTC	TAACATGATC	TAAATGCTC	ATTGCTAATG	CAGCACCTTC	ACTCGGATCT	780
15	GTACCTGCAC	CTAATTCATC	AAATAAACT	AACTATGTT	TGTCTGCATG	CTTTAAAT	840
	TCAACTATAT	TCGTCATATG	AGATGAAAAA	GTTGATAATG	ATTGTTCTAT	TGATTGTTCA	900
20	TCTCCGATAT	CGCAATATAC	ATTTTTAAAT	ACACTTAACT	GACTACCATC	AAGTGTGGGA	960
	ATCAACAATC	CTGATTGAGC	CATAACAATA	ATTAAACCTA	ATGTTTTTAA	TGTTACAGTT	1020
	TTACCACCTG	TATTCGGTCC	TGTAATAATT	ACCGTTTCAA	TATCTTCCAT	AAATTCGATG	1080
25	GTATTAGCTA	CAACAGTCTC	ACGATTTAAT	AATGGATGGT	ATGCTTTAGG	TAAATATACA	1140
	GTACGGTCCT	CTTTAAATAT	CGGCTTTGTT	CCTTTAATAC	TTCTACTATA	TCTCGCTTTT	1200
	GCGATTAAAA	AATCTAACTG	ACCCATGACT	TGTTCTGCCA	CAAGTAGTGC	ATCTTTGTCC	1260
30	GCAGCCACAT	AACCAGTTAG	TTGCGTTAAA	ATGCGTTCTT	TTTCAATTGC	TTCGTCATGA	1320
	CGTAATCGAC	TAATTTGATT	ATTCATTTCA	ACAACTGATG	ATGGCTCAAT	ATACAATGTT	1380
35	TGTCTGAAG	CAGATTGATC	ATGTACAATC	CCATTAAAAT	CTTGTCGATA	TTCAGCTTTG	1440
	ACAGGTATAA	CGTTTCTTTT	ATTCCTAACT	GTTACAATAG	CATCTGATAA	TTTTTTCTGA	1500
	TTTGCTTGGC	TTTAAACAAT	ACGGTCCAAA	TTTTGTCTAA	TACGTTGATT	CGTGCTAGAA	1560
40	ATTTTACTTC	TAATCCCTTG	CAATTCATAA	CTCGCATTAT	CATATAAATC	ATACGTATCG	1620
	CATGTTTCAT	TTATTTGTTG	AAAAAGATCA	GTTAACACAG	GTAATTGATT	CATCTTGTC	1680
	TCTAATATTG	GGTATTTAAC	ACCTTCATCT	TCTTCAACCA	ATTGATTATA	AAATGTCTTG	1740
45	AATTGATTTT	GTACTTGAAT	TAATCTTTTT	ATCAAGTTAA	GCTCTGATAC	ATTTAAAACG	1800
	CCGCCAATAT	CAGCGCGATG	AATGAATGCT	GATACTTTAG	ATAAGCCACT	CAAGCTTGGT	1860
50	AAACGATGCT	TATTATAGAT	TTGAGCAATC	TCATCCGTTT	CTTCATTG	AAAAACAACC	1920
	GTTTCAAAAT	TAGTAGCTGG	CATCATTTGA	TTGACCTTTT	CCAAGCCTAA	GTCACATAA	1980
	GTTTCATTGG	CAACGAGTGA	TTTTATTTTT	TCAAATTCTA	AGACGTCTAA	TGTTTTTTGT	2040

	TCACGCGATA ATGCGTTAAT CACTCTATCT TTTGTtACAA ATCCTTTTTTG CGCAGTTGtA	2160
	CGCCATAATT CATAAAATCT AAATGATTTG TATGATGCGC ATCAGTGTTA ATAGTTAATT	2220
5	TCACATTTGG ATATTTACGA ACGATATCAG CGCTCAGATC CAGTCGATGT GGATTGGCAT	2280
	TAATTTCTAA TACTGTATTC GTTCTTTCAG CTAATGCCAT TAATTGTTCA ATATTGGT	2340
10	TATAACCATC TCTTCTACCT ATAATACGCC CTGTTGGATG CGCTATATGT CGCACGTATG	2400
	GATTGCGACA TGCATTAGCT AATCGTTCCA TAATTGTTC TTCTGATTGG TTAAAGCTTT	2460
	GATGAATAGC TCCAATTACA TAATCAAGTT GTGCTAAAAT TTCATCATCA TAATCCAGCG	2520
15	AGCCATCAGG TAATATATCC ATTTCTGTAC CTGAATAAAT ATCAATTTCA CTATATTCTT	2580
	TATCTAAAGC CTTAATTTCT TCGTTTTGTC TTAAAAGTCT TTCTACTTGT AAGCCATTAG	2640
	CAACACGTAA ACTTTGTGAA TGATCAGTAA TTACCATGAA TTTATAACCT TTTGCGATAT	2700
20	TTGCTTCTAC CATGTCTCGA ATAGAAAACG CACCATCACT ATACGTTGTA TGCATATGAA	2760
	TATCACCATT AATATCATCT ATTGTAATGA TATTACTTAG ATCTTTATCA AATTCGCTAC	2820
	CATCTTCTCG CATAGCAGGT GGTATAAAAT TCACATTAAA ATGTTCATAT ATCTTGGCTT	2880
25	CACTATCATA TTGAATTAAT GTACCATCAG CTTGTTCAAT TCCATATTCA CTTACTTTTT	2940
	CATCACGTGC TTTAGCAAGT TGTCGAATTC TTATATTATG TTCTTTTGAC CCAGTAAAAT	3000
30	GCTGCAATGT ATGATAAAAA GCACTTG GTT CAATTAATCG AAAATCGACA CCAATCGTTT	3060
	CATCATCATA CGCTAATTCT AATGAAACTT TTGTGTTCCC CACTGCAACT TCTTTTACTT	3120
	TATTGGGAAT ATTTAATAAT TGCTGCTGCA CTGCTTTTGG GTTATCGGTA CTTATTATGA	3180
35	AATCTAAATC TTTGCTCATT TCTTTAAAC GACGGAAGCT TCCTGCAGAT GAATATTGAT	3240
	CGATATAATT TAATGTATCT ATATAATCAA TGATTTCCTG ATTAAGTCTT CTCATTTGAT	3300
	CAATTGGATA TCTATCTTTC TTAGCACCAA GTTGTTCAC AGCTTCTAAT ATGTTTTGTT	3360
40	CCGTTTTCTT AGCAAATCCG CTTAATTCAC TAACTTTTCC ATTTTCACAA GCAACTTGAA	3420
	GTGACGCTTT ATCAACAATA TTCAACTCTT TATATAGCTT AGCAATTTTC TTGCTTCCAA	3480
45	GTCCTTGAAT TTTCAAAAGT GGAATAAGAC CTTCCGGAAC TTCTTCCTGT AATTGCTGTA	3540
	AATACTGAGA TTCACCGGTC TCACGGTAAT CATTGATTAC TTCTGCAACA CCTTTACCAA	3600
	TGCCTTTtAA CTCCGTtACA TCAGATATTT CATCTAATGG TCGTTCATCT AATTCAAGAC	3660
50	TTTGAGCTGC TTTTCGaTAC GCTGaTATTT TAAAAGTATT TTCCCTTTT AATTCCATAT	3720
	AAGTAGCAAT TTGTTCTAAT AGTTTGATAA CATCTTTTTT TGTcATAATA ACACTCCATA	3780
55	AAAAGAAGAC CAGGACGTAT CATTAATATA TACCTTTGTC CTGACCTCTT ATGATAATTT	3840

TAGATATTTT AAGCTGATGT TGTAATGCTT CGTTAGGATA TAATGCCAAT AGATATAACG 3960
 TAAAGTGTA GACAATTATC GTCATAAACA CACCAACTAT CATTCCCATT GCACGACTGA 4020
 5 AAATATGAAT GTTTTGATAC GCTATTATTT TATCAAAAGT TACGATAATT AGATATAAAA 4080
 TGAACCTACA AAACAATGTA ATCATTAAAA AAGCTACAAT CGCTTCAAAT CGATTTTGTA 4140
 10 GATGATTAAA ATGAAACGCA AAAGTTGTAT TAAATGCTGT TGTTTTAGGA TATGGAATAA 4200
 ATACAATTAA TCTTTCTACA ATAGATTTGT AAAATTGACT GGCAATCCAC AATGATACAA 4260
 nCGTTGCACT CAAATGTATC ATAGATAACC AAAAACCTCG TCTGAATCCA ACGATGACAA 4320
 15 AATACACAAA GAAAATGATT ATGATAAAAT CAATGACCAT TTATTGCTCA CGCTGCTGCA 4380
 ATTTGTGAAT TTGTTGTTTC AAACGTCGAT TTTTTTCTT CTAGTAGTAC TTTTTCATGC 4440
 ATAATATTCA CAGCAGTTAG TATTGCTTTT CTTGAAGTAT CTAAACCTGC TGCTTTATAC 4500
 20 CCTAATTCTT TTATTTTATC ATCAACTAAA TGTGCTACAT ATCGTATGTG CTCTGGGTTA 4560
 TCTCCCCCAA CAATTGTAAA AAGCTGATCA TTAATTGATA CATTTACCTT GTTTTAAAC 4620
 TGTGTCATTT ATAATTCTC CTGATCCTT TTTTAAATC TAAATTCACG TTATAAAATA 4680
 25 TGAATGGATA GTTTGTCTGA ATTTGATACT AATATTGTTA TATTGCAATT ATGATAAAAC 4740
 AACACACAA TCTCTATAGA TGAATTAAAG TTCTTTTTAT AATGAAATAA TGTAAGAAT 4800
 TTTCTATTCA ATACTTTATC ATGTTTAAAT TGTGTCCTA TAACATTTTC ATAAACATTA 4860
 TACATGACCA CTATGTATTT TGTAAGTATC CGCAATTAAT TCTTTACAAC ATACATAAAT 4920
 GTTCTGACG TTATTATCAT TTATGATATG ATTATTTTGT CTAAAGACAA TGAAATTTTA 4980
 35 TGAAAGGATT TACACAAATG GCGAATATCG TTTTAAATT GTCGGATAAA GACATAACGA 5040
 CATTAATGTC ACGCATTTCT TTTGATACTG AGAATTTACC TCAAGGnATG AnAGCACGTG 5100
 CAAAGTATCC AAAATACAAC TGTAATATT TACCAT 5136

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 333:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4239 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 333:

GGCCAAAATT GCACCTCCAC TTTCCTTTGA ACAAATCTAT TTAAACGCA CATTCCCATT 60
 ATGACAAAATT AAATGTGAGT nACATTTGTT TGTATTTTAA CATGACTACT AACGCAAACT 120

	GGTATCTTTC AAAGATAAAA TCTTAATAAT TTCTTAGTAA ACTCTTTTCT CTAGATTTAT	240
	CACAAATATTA TATAGACCTA TTTTATTTTG ACGTAAGTTG CTAGTATCTT CAAACAAAAA	300
5	ACCTTTATAA AAATTCATAC CTTTATGCTA TCGCTGTAGG CTCATTAACT TGTTACATAT	360
	AATTCTTAAC TATCCTTTGA TGATTGTTTT ATTAGATTGT TTCGTTGATG GATACTTTCA	420
10	CGAATTTCTA TAGTTCAATG CTAATAAAAA AACAGCCCAA AACTTTAATT TGTTTTGGAC	480
	TGTTTTATAA TTATGCTTGC GATGGTGTTC TAGTTTCTGA AGTTTGTTCA GCAATGTGTCAT	540
	ATTTAAACTC TTTACCATCA TGATCTACTG TAACTTTCTT ACCTTCAATT TGATTACCAT	600
15	CTAATATTAA TTCACCTAAA TTATCTTCGA TAGTTTCTTG TATCGCTCTA ATTAATGGTC	660
	TTGCACCATA TTCTGGATCA TATCCTTCTT CTGCGATTTT GTCTTTCGCT TTATCAGTTA	720
	CAATAATATT TATGTTTTGT TCAGATAATC GATTGTGTTA TTTATTAACC ATCATTGTTA	780
20	CAATTTCTTT TAATTCCTCT TTTGTTAGTT TATGGAATAC AATGATATCA TCTACACGGT	840
	TTAAAAATTC TGGACGGAAT GAATTTTTTA ATTCTTTTAA CATCGTTTTT CGAATTGTTT	900
	CATAATCTTG TCCATCACTT GAACCACCGA ATCCAGCAAA TCGTTGATCT TGTAATTCTT	960
25	GTGCCCCAAC GTTTGATGTC ATTATGATAA TTGTATTTCT GAAATCAACT GTACGTCCTT	1020
	TTGTATCTGT CAAATGTCCA TCATCTAAAA CTTGTAATAG AATATTAAAT ACATCTGGAT	1080
30	GAGCTTTTTT AATTTTCATCA AATAAAATTA CAGAATATGG TTTACGTCTA ACTTTTTTCAG	1140
	TTAATTGTCC ACCATCATCA TGACCAACAT ATCCTGGAGG AGCACCAACT AATCGGCTCA	1200
	CTGCGTGTTT TTCCATAAAT TCACTCATGT CTACACGGAT CATCGCATCA TCATCGCCAA	1260
35	ACATTGATTC AGCTAAAGCT CTAGCTAATT CAGTTTACC AACACCAGTT GGTCCAAGGA	1320
	AGATAAAGCT ACCAATTGGT CGTTTAGGAT CTTTAAACCC TGCACGGGCA CGTCTAACCG	1380
	CTTTACTGAT TGAATTAACA GCATCTTTTT GCCCAATAAC TCTCTCATGT AATGTATCTT	1440
40	CTAGACTAAG AAGTTTTTCA GATTCTGTTT CATTGATTTT AGTTAATGGG ATACCTGTCC	1500
	ATCCTGCAAT AACTTCAGCA ATATCTTCTT CTGACAATGA AGTTGACATG CCATTTTGTG	1560
	CATTCTTCCA TTCATTTTTA GCTTCTTCAT ATTGCTTTTC AAGTTTTGTT TGTTTATCAC	1620
45	GCAGgTTAGC AGCATTTTCA AACTCTTGAG CATGTACTGC GGCATCTTTT TCATTTTAA	1680
	CTTTTTCAAT TTCTTGTTCA ATTTCTTTTA AATTATTAGG TGTCGTATGA CTCTTAAGTC	1740
50	TTACTTTAGA ACTTGCTTCA TCAATTAAAT CAATTGCTTT ATCTGGTAAG AAACGATCTG	1800
	AAACGTATCT GTTACTTAAT TTAACAGCTG CTTCAATAGC TTCGTCTGAA ATATTAATAC	1860
55	GATGGTGTGC TTCGTAACGA TCTCTTAATC CTTTTAAAT AGCAACTGTA TCTACTACTG	1920

	TTTTGCGATA TTCATCTAAT GTAGTAGCAC CAATACATTG TAATTCACCA CGTGCTAATG	2040
	CCGGCTTCAA AATATTGAA GCATCGATAG CACCTTCAGC ACCACCAGCA CCAACTAAAG	2100
5	TATGCAACTC ATCAATAAAT AGGATGACAT TACCTGCTTG TTGGATTICT TCCATAACCT	2160
	TTTTCAGACG CTCTTCAAAT TCACCACGAT ATTTAGTACC TGCAACTACT GTTCCCATAT	2220
	CTAAAGACAT AACACGCTTA TCTTTTAATG TCTCTGGTAC CTCATTATTC ACTATGGCTT	2280
10	GCGCTAAACC TTCAGCAATA GCAGTTTAC CAACACCTGG CTCTCCAATA AGCACAGGAT	2340
	TGTTTTTCGT ACGTCTACTT AATACTTCAA TTACACGTGT AATTTCTTTA TCACGTCCTA	2400
	TAACAGGATC TAATGTACCG TCTTTGGCAA TGACTGTAA GTCACGAGCT AAACATCTA	2460
15	AAGTTGGAGT ATTATTTGAC TTACTAGCTT GTGCATTTTT ATTACTCATT TCAGGGTTTC	2520
	CTAAAGCTTT CACAACTTGT GCACGTGCTT TAGTAATATT TAAATCTAGA TTTGCAAAAA	2580
20	CTCTTGCTGC AACACCTTCA TTTTCACGAA TCAAGCTTAA TAAAATATGT TCCGTTCCAA	2640
	CAAAATTGTG ATGTAATTTT CTAGCTTCAT CCATCGATAA TTCAATGACT TTTTGTAGCTC	2700
	TAGGTGTATA ATGCAATGTA CCAACATGAT CTTGACCATG TCCGATTAAT TTTTCAACTT	2760
25	CTTCAATTAC TTTATCTTCA GTGATATTAA AACTTTCTAA TACTTTTGCA GCAATTCCTT	2820
	CAGGTTCTTT CATTAAACCC AATAATAGGT GTTCTGTTCC TATATTTGAA TGATTTAAAC	2880
	GAATTGCTTC TTCTTGGGCA TGTGCTAATA CCGCTGTGTC ACGCTCAGTT AATCTACCAA	2940
30	ATAACATAAA TAATGACCTC CTACTTTATA TGTCTCTTAA GTATATCTGC TCGTTTTTCT	3000
	TTTACAGATT TGTCATCTTC TTCATCTAAT AAAAAAGGTG ACTGTATAGC TACCATCAAT	3060
35	TCATTAAATT TAAAGTTTTG TAATTCAATG TAATTAAAT CTATACCAAG TTTAACTCGC	3120
	TTAATCTATA AGAAGCCTCT TCCATAGTTA TCATTCTACA GTTTTGTAAA ATACCTAGCG	3180
	AGCGAAAAAC ACGGTCTTGT GTTTCTAATT GATTATAAGT GTCTAACTTT TGTCGTATTT	3240
40	GTTTTTCTTC ATGAATGATT TGATTAACAA CTTCTGTTAA TGTCTCTATG ATTTCTAACT	3300
	CAGATTTACC AAGTGTAAGT TGGTTGGATA CTTGATAAGT ATGTCCATAA ACTTGCGAAC	3360
	CTTCAACGTA AATACCTCTG ATTGTATATC CAAAACGATT AATGGTTTGA GCAATCCGTG	3420
45	TCATTCTTTT CATAATAGAT AGACCTGGCA AATGTAGCAT CACGCTTGCT CTCATACCAG	3480
	TACCTATATT GGTAGGACAT GTAGTTAAAT AACCAAGTTG TTCATCATAA CTTATATCAA	3540
	GGCTTCGATC TAATTCATCA TCAATTGATG AAGCTTGATT ATATAAGCC TGTAATGTCTG	3600
50	TGTCAGTTCC CATAGCTTGA ATACGAATAT GGTCTCTTTC ATTTATCATG AACTTTAAAG	3660
	ATTCATCGTC ATTCACTAAT ACTGCGGCTG CTGGTTGTTT TATTAGTTCA GGAATAATCA	3720
55		

CAAAGTTTGG CAAGGCATCT TGTACCTCAT TTATAACTCT AAATCCcATC ATTTTCAGTA 3840
 GCATACATTA GTGGATGCAC ATGATTTTCT AAAtTACGCG CTAACCGAAT TCTAGAAGAC 3900
 5 ATAACAATTG GTGTTTCTTC ATTACTTTTC ATCCATTGGC TGATATTATC ATGAATATTA 3960
 TCGTCATCA TGTTCACCT CACTCTCAGC TTTTAGTGCT TTAATTTTCAT CTCTAACAAT 4020
 GGCTGCTTCC TCAAAATCTT GGATTTCAAT AAGTTTTTTC AAATATTCAT TCTTTTCTTC 4080
 10 GATTTTTTCG TTTAAAGCTA TCTTTTTATG TGAAGAATGT GGTGTCTTTC CAACGTGCTC 4140
 AAATTGTCCA CCTTGAATC TCGGACGAT ATCAATGATG TCATCTTTAA ATGTTGcATA 4200
 15 ACAATTAGCA CACCCAAATT TACCAACATG TGCAATATC 4239

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 334:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

20 (A) LENGTH: 1245 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

25 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 334:

CAAACTTTG ATTATGTCGT GTCAGTTATT AATGCATACA GTAATGCATC GTTGTTATTT 60
 TTTATTTATT TACTATTTAT TATGTACCAA ATCAGCCTTt CAGTAAAATA GGTCAAATTA 120
 30 CTGATTTTCT AAATATAAAA TGCCTCCTAA TAACATACTA TTAGTACATC ATTAAGAGGC 180
 TCTTGTGTTA TTTGCATACT AAGCGCTCAA ATTTAAATTT AAGATGAAGA TTCTTGCAAT 240
 35 AATATTTCTA TATTTGTCGA TATATCCAAT GGATCTTCCA TTGGCAAGAA TCGATTTACA 300
 ACATTTcCTT GTCGATCGAT TATAAATTTT GTGAAATTCC ATTTTATTGG GGaCCCAAAG 360
 ATTCCTGGTT GTTCaTTCTT TAAATGCGtA AATAACGGAT GTTCATCGTT CCCGTTcACA 420
 40 GATATTTTAG CTAACACTGG AAATGTTACA CCAAAATTTCT CACGACTAAT TTTCAAGATT 480
 TCTTCATTAG AACCTGGTTG TCGATTGTCA AAATTATTAT TCGGAAAACt CAACACTACA 540
 AACCACGAT CCTTATATTT TTGAAATAAA GTCTCTAGTT TTTCAATTG TTCGCTATAT 600
 45 ATACATTCTG TTGCAGTATT AACAACTAAA ATCACTTTAC CTCTAAATGC TTCTAATTTA 660
 TAAGTTAAGC CTTTATAATC ACTTACTTCG ATATCATACA CATTtCTATT ATTCATAAGA 720
 CACCCCTACA CAGCCTTTTT TATATTGAAT ATGTTCTTTT TAGAATGTTc TGATAAAATA 780
 50 AGTGCGCGTT TACACCGTGA ACACACATTA TATAGCGTGA TACATTTTTC GAGCACACGA 840
 TAAATAATGT TCGAGTTTAT GTTGTGCTC AACCTATCCG ATTTACCGTC TTTTTTCACC 900

CCGTTATAAC CCCTCATTAT AATCATCCTT ATTTTCTATT TTTAAAAAGA CAATTAGACC 1020
 GCTCTTTAAA CTATAGaTTA ATACTTAAGk TAAACTCATA CATACTGATA CCATACGTTA 1080
 5 GATCTAACAA TTTAAaATTC GTTATAACTA TGGATTAAAG AGCTGCCCAA CTCATATAAT 1140
 CCTTAAAAAC TTCACATGTG ATTGTkTATT AAGCCCTCCT TTATChTATT AAATATCCTT 1200
 10 ATAACCCTTT TAAAATTAAA CTGACACACT CATACATTGT TACAC 1245

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 335:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1399 base pairs
 15 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 335:

CTTGTAAGG TAGTTGTTCA TTTAAATTAA AACAGTATGC TAAGTTnGTG CTTATATTTT 60
 GCAACTTCAA TTCGACAGGC TCATCTTGAT ACATGAATGC CTCAATTTCA TCATGTGATA 120
 25 ACTTTTTTCAA AATATCAATT AAATGrATAC TAAAAACGAT AAATAACATA TCCCAATTTG 180
 AATTCAGCCC TAGCGATTTT AATTTGTTTA AAATCTTATC TTTTGAAAA ATTTCGATTCC 240
 30 TAATGTCTTG TATATCGTTA TCAGTCAAAG TTTCCCAATC TATATGTGAA TGAAGACCTA 300
 AATAACACTT ATCCATTAAT AATTCATATA CCGTTAATGC AGAGACATCG AAACAACGTT 360
 CTTCACTTAz AAAAAACGCCA TCAACATCAA ATAAAAATTTT CTTCACAATC CCCACTCCAT 420
 35 TTCTGaAAAT TCAGaTATAA ATCATTCTAC TATTTGACTA AAAAAAGCGC AAACCCTATT 480
 GAAGTaGATT TGCGCTTTAG CTGTThAAAT TTTATAAATG ThTTTCAATT TCATCAGCAA 540
 CCTGCTGTAC GTGTGTACCG ACAATAACTT GAGTTGAATG TTTGCCATTA ACAGTAACAC 600
 40 CAACTGCACC GCGTTTTTAA ATCTTCTGTT TATCAATAAT AGATGTGTCT TTTAACCTTA 660
 GACGCAACCT TGTTGCACAA TTGGTTAAAT TAACAATATT CTCTTGACCG CCTAACCTT 720
 CTAATATTTG TATAGCATGT TGATGATATT TACTTTGTTT AATATCATTT TCACCAGGAG 780
 45 CAATATTATC TTTTACAACT GTTGGGTCAA CTAATTCATT TTCACCTCTA CCAATCGTAT 840
 TCAAGTTAAA TACTTGGATT ACTACACGGA AAATCACATA GTATAAGATG AAAAATACAA 900
 50 CACCTTGAAC AAGCAACATC AATGGATGAT TTGATACTGG ATTAATTAGT GATAACACAT 960
 AATCTATCAA ACCTGCACTA AATGAAAATC CAGCTGTCCA ATGGAATGTA GCTGCGATAA 1020
 ATAAAGATAA TCCTGTTAAT AACGCATGAA CAACATATAA GATTGGCACA ACAAACATAA 1080

ACCAACCGTA AACTTGTTTT TTCTGAGTAG TTTTAGCTGT ATGATACATT GcTAACGCAG 1200
 CCGCTGGAAT ACCGAACATC ATGATTGGGA AGAATCCCGC TTGATAGCGT CCTGTAATAC 1260
 5 CTTTTATAGC ATCTTTGCCA CTTTGGAATT TACCAATATC ATTAATACCA ATCGTATCAA 1320
 ACCAGAACAC ACTATTCACT GCATGATGTA ATCCTGTAGG AATTAATAAT CTATTGGCAA 1380
 CACCATATAT GAAAGCTCC 1399

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 336:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1329 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 15 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 336:

TATAGTtTA TTATTAGCG AAGCATTAAT ACTACCACCG GTTATAACAA ATGTATTTTG 60
 CGTATTAAAT TGAATGGTAG GACCAATCAA AGTATATTCA ATCGCTGGAC CATCATTTGTT 120
 25 AATTAATGAC TGC GCAACCT TAAACTAAA TTGATCCATG GCACCTGCGC CTGAAAATCC 180
 AATATGTTCA TAACCTATTC TTCCTAGATC TTGTACCGTT GAAAAGAGAC CTGGTTGTAA 240
 AATCTTAATT GACATTTTCA ATCACCACCC AGTCATCAAC ATTAAAGTTG CCATCTGATA 300
 30 TATCTCTTTC GATTTGTATA AATTTCTGTT CATCTATTGC ATAAAATTGT ATCCATTCTC 360
 CTGCTTCGTA CATTGACATT GGTTCACGCT CGCTGCTAAA TACTTTTAAc GGTGTGCGTC 420
 CAATAATTG CCATCCGCCA GGAGAATCTG ATGGATATAG TCCTGTTTGA TTATTCGCAA 480
 35 TACCTACAGA ACCTGCATGA ATTTTAAACC TTGGCTGATT ACGTCTAGGT GTATGTAGTT 540
 GTTCATCAAG TcCGCCTAAG TATGGAAATC CTGGCATAAA TCCTAGCATA TATATTAAAT 600
 40 AAGGTTTACT TGTATGTTTT TCAATAACTT GCTCAACAGT TATTCGATTA TGCTTTGCTA 660
 CTTCTTCAAT ATCTGGTCCA TATGTACCAC CATATTGAAC AGGTATTTTA ATAATACGAT 720
 TGGTTTGATT CACAGCATGA ACATTTTTTT CATTAAATTT GTTAAGTTCT AAATTTTCAA 780
 45 TTAATTTAGA AGATGTTATA GCTTGTTTAT CAAAATATAT TAGAACTGCT CGATACGAAG 840
 GGACAATATC TTGAATTTCT AATATTTCTT TTTCTCGTAT CCACCGTACC ATTGCTGTGA 900
 CATTACGATA TGTCTCTTCG GATATTTTAT TTTCAAATA AATCATAATT GTCTGCTCGT 960
 50 TAATAAATCT TACATCCACT TTAAATCCCC CTTTGTATTG CAATAAACCA GTATTGAATA 1020
 CCTTTTCATT GTATCATTGA GAAGCACAAG TTGTTTAATA AGTAATTCAA ATCGCATATA 1080

TTAATATTGT AACTCTTACA CTAATTTAGG TTCTGCTATC ATTCGGTCTG ATGGAAAATT 1200
 TTTACTTTTC ATCTGTCCGA TTTTTTGATT TTGAATATAA AAAAGCACGA CCGAAGTATC 1260
 5 ATTAACACAC TTCAATCGCG CAATTAAATA ATCTATTTGA TCATTTATTG GATATTAACA 1320
 ATTTTACG 1329

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 337:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 3421 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 337:

GAATAGTGCC ATTTGGAAAG ACATAAGAA TCCAGAAGCA CCTTTAGCGA ATATGCCGTG 60
 TTCATATAGA TTTGTGAAAC TGGCATGCCC GAATTGAGTT TTAAATGCAA ATAGAATCAT 120
 GACGAAACCA ACTACTATTA AACCAATAAT TGTCGCTATT TTAATGATAG AGAACCAAAA 180
 25 TTCTAATTCT CCGAAAAGTC TTGCGCTAAG TAGGTTGAAT GACATTAATA ACAGTACACA 240
 AAATAGTGCA CTTATCCAGT TTGGAATTTT TGGGAACCAA AAGCTAACAT ATTTTGCCAC 300
 AGCCGTTACT TCAGCCATAC CTGTAATAAT CCAACAGAAC CAGTATGTCC ATCCGGTAAC 360
 30 AAATCCTGCA AAAGGCCCAA TATATGTATT GGTACATCT GCGAAAGATT TAAATTCAGT 420
 ATTCTGTATA ATGATTTCTC CTAAACCTCG CATAAACATA AATAACATA ATCCTATAAT 480
 GATGTATGTT AATAGAATTG AAGGGCCGGT TAATGCAATC GTTGACCAG CACCTAAGAA 540
 35 TAAGCCTGTA CCAATTGCAC CGCCAATTGC AATTAATTGT ATGTGGCGAT TGCTCAGTTC 600
 CCTTTGTAAT TTTTCAGCCA TAATACATCT CCCTTAAATA TAGATATGTT TATTATGCAC 660
 40 TTATATTGAG ATATATACAA TTATTTTCGG TAAAAATGTG TAAAATTCCA TGTTAATATA 720
 CTTTGGTTTT TATAATCATA TATAATAACC AATTGAAAAT TTAATTCTAT TGTAATAATC 780
 ATGGATTATT CACATCTTGA AAAAGCTTTA ATGGTGCTAT TTGTGGCTAT TCTGTGACAT 840
 45 TTACATAGAT TTACAAAAAA ATTGTTGCAC ATATAATGCC AGTtTTTATA TTTCAAAAC 900
 GAAATGCGTT TAcTATAATA TTAGTTGAAA GCCATTTTCAT AAAGAAACAG TAAAGGGGAA 960
 ATTTATCaTA GCmGaATTAC AAAGAGGTTT AGAAGGGGTT ATCGCmGCGG AGACTAAAAT 1020
 50 AAGTTCAATT ATTGAAAGTC AATTGACTTA TGCCGGCTAT GATATTGATG ATCTAGCTGA 1080
 AAATGCGCAA TTTGAAGAAG TTATTTTCCT ATTATGGAAC TATAGATTGC CAAACGAAGA 1140

TACACATTTT GAGGAGTATG TTACAGATCA CGTGCATCCA ATGACAGCAT TACGTACGTC 1260
 ATTATCATAT ATTGCACATT TCGATCCTGA TGCTGAAAAT GAATCAGATG AAAATCGTTA 1320
 5 TGAAAGAGCA ATGCGTATAC AGGCTAAAGT AGCATCATTG GTTACAGCGT TTGCTCGAGT 1380
 AAGACAAGAT AAAGAACCAC TTAAGCCTAA TCCTGACTTA AGTTATGCGG CAAACTTCCT 1440
 ATATATGTTA CGTGGGGAAT TACCAACAGA TATAGAAGTA GAAGCCTTCA ATAAAGCACT 1500
 10 TATTTTACAC GCTGATCATG AGTTGAACGC ATCTGCATTT ACGGCACGTT GTGCGGTATC 1560
 ATCATTGTCA GATATGTACT CAGGTATTGT AGCAGCCGTA GtTCTCTGAA AGGGCCATTA 1620
 CATGGTGGTG CAAACGAACA AGTTATGACG ATGTTATCTG aGATTGGGTC AaTTGAAAAT 1680
 15 GTTGATGCTT ACTTAGATGA AAAATTTGCT AATAAAGrTA AAGTAATGGG cTTCGGTCAT 1740
 CGTGTATATA AAGATGGTGm tCCTAGaGCG AAaTATTaA GaGAAaTGAG CCGTCAAaTT 1800
 20 mCGAAAGACG CTGGTCGTGA AGAATTATTT GAAaTGTCAG TGAAAaTGGA AAAmCGTATG 1860
 GCAGAAGAAA AAGGATTAAT TCCTAATGTT GATTTTTATA GTGCGAGTGT TTATCACTGT 1920
 ATGGAAATAC CTCATGACTT ATTCACGCCA ATCTTTGCTG TAAGTCGTTC TGCAGGATGG 1980
 25 ATTGCTCATA TTTTAGAACA ATATAAAGAT AATAGAATTA TGCGTCCTAG AGCGAAATAT 2040
 ATTGGCGAAA CGAATCGTAA GTATATCCCG CTTGrAGaAA GAAAmTAATC AATACAAATT 2100
 AAAAATGAAG ATGTAAAATT TGGAGGTAAA ATAACATGA CTGCAGAAAA AATTACTCAA 2160
 30 GGAACCTGAAG GATTAAACGT ACCTAATGAA CCAATTATCC CATTATTATAT CCGTGATGGA 2220
 ATTGGACCGG ATATTTGGAA GGCAGCAAGC CGAGTTATAG ATGCTGCTGT TGAGAAAsCC 2280
 35 TATAATGGCG AAAAACGCaT TGAATGGAAA GAAGTGCTAG CTGGCCAAAA AGCATTGTAT 2340
 ACAACTGGTG AATGGTTACC TCAAGAAACA CTTGATACAA TTAAAGAATA TTTAATTGCT 2400
 GTTAAAGGAC CTTTAACAAC ACCAATTGGT GGTGGTATTA GATCATTAAA TGTGGCTTTA 2460
 40 CGCCAAGAAT TAGATTATT TACTTGCTTA AGACCGGTAC GTTGGTTTAA AGGAGTACCA 2520
 TCACCTGTTA AACGTCCACA AGATGTTGAT ATGGTTATTT TCCGTGAAAA TACTGAAGAC 2580
 ATTTATGCTG GTATTGAATT TAAAGAAGGT ACAACAGAAG TTAAAAAGGT AATTGACTTC 2640
 45 TTACAAAACG AAATGGGTGC GACAAACATT CGATTCCCAG AAACCTCAGG TATTGGTATT 2700
 AAACCAAGTT CTAAAGAAGG AACTGAGCGA TTAGTTAGAG CAGCTATACA ATATGCTATC 2760
 GATAATAACC GTAAATCAGT TACTTTAGTT CATAAAGGTA ATATTATGAA ATTTACAGAA 2820
 50 GGCTCATTTA AGCAGTGGGG TTACGATTTA GCATTATCTG AATTTGGTGA TCAAGTATTC 2880
 ACTTGGCAAC AATATGACGA AATTGTTGAA AATGAAGGCA GAGATGCTGC TAATGCTGCT 2940

55

TTACAACAAA TTTTAACTCG TCCAGCTGAG CATGATGTTG TAGCAACTAT GAACTTGAAT 3060
 GGTGACTATA TTTAGATGC TTTAGCTGCA CAAGTTGGTG GTATTGGTAT TGCGCCAGGT 3120
 5 GCAAACATTA ATTATGAAAC AGGTCATGCT ATTTTGAAG CAACACATGG TACAGCTCCA 3180
 AAATATGCAG GTTTAAATAA AGTGAATCCA TCTTCAGTAA TTTTAAGTTC TGTATTAATG 3240
 TTAGAACATT TAGGATGGCA AGAAGCGGCA GATAAGATTA CAGATTCAAT TGAAGATACA 3300
 10 ATTGCTTCAA AAGTTGTTAC TTATGACTTT GCCCGTTTAA TGGaTGGtGC TGAAGAAGTT 3360
 TCTACATCAG CATTTGCAGA TGAATTGATT GnAAATTTAA AATAAGCAGA ATAGAATTAG 3420
 G 3421

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 338:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3173 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 338:

CCCTnGATAC CCAAAGTACC CTAATACCAC TGGCTAAACC TAATGGATAG TACCATTAT 60
 TTTCCAATAA ATAAaCCAAC TGCAATnGCT ATaACTCTAA ATATAATAGA GATAATCmCA 120
 30 TTAATTGGAT TAAtACGCCA AATACTAGTA ATAATAGGCT AGATAATAAT CCACCTAAAA 180
 AGTACTTTTT AATTCCAAAG AAAGCTAATA TCAATAATGC TGCCGGTGCA GATAATTGAA 240
 35 AATCTAATCC TGGTATAATG GACGGTATTT TCAAAAGTGC CAAATGGTT AAAATCGCAG 300
 CAATGACACT AATTTGAGTA ATATCTTTTG ATGTCATACT AAAACCCCTA TACCGTTTCA 360
 TAAACAACCT GCTTCGGTGT GCTTTCTAAA AATGATATGT AATGATTTAA ATCAATACAA 420
 40 TCGTCCACAA ATATTATTCT GCCTCCATAT CTCGTATTAA CTGGTTTAAT ATCAAATAAT 480
 CGATGGTAAC CAATTTTAGC AGCGGCAAAA TAACCTGTCG TATACGTAA GTCATCGGAC 540
 ACGCAAAGTT CTCCTTTGAC ATACGGATGC GCATTGATAC AACTAGCAAT TGCTAAGGCA 600
 45 TCAGTCACTC TTTCATTAAG ATCACCTTTA TTATTTATAT CTTCAAACGA AAAATGTGTT 660
 GCCCTAATCC CCCTTTGTCC AAATGAATCT AAACGTTTAC CAGATATAGC AGATAGAATA 720
 ATAGCTCCTG TATAAACCGT TTCATTTTTA ATATATGTCA TCCCTTGATT TAGCGCTTGT 780
 50 TCAGTGACAC CACATTCTTG TGTTAAATGT TGGAGATTTG CTTTATCATC CTCAATAATT 840
 TGTAATGCTT TTATTTGTTG AATCGGTTCC ATGATTTTTT GTATTTTTAT ATTGAGAAAA 900

	ATTTTGTCAA ACTCACAAAT CGTTTCAGCA CCACTAATAT GAACATCTTG ATTGCTAGAA	1020
	CGCATTTTTA TACTATACAT GACGATCACC TcAATCTTCT TGaTGC AAAA TTTCAAACAA	1080
5	CCTATCTATA TCTTGTTCAG TATGAAAATA CGACAATGAT ATTCTTAACA TTGGCTTAGT	1140
	CACAGTtGGA TACCTTAAAT AACTTGTA AA CACATGATGC TTTAATAATG TTTGATGAAT	1200
	GTTCTCAGCC GCTTCTATGT CATCAAAC TC AATAAACTTA ATCGGCGAGT TTGaACTATT	1260
10	ATAATKaACA TTGAGTGCTT TTAAC TTTTG GTTAAATAT TTA CTCAAAC TATTTAATTT	1320
	AGTGCGTCTA TCATCAGCAT TTATTAAC TT CAATGTTT CT TTTTATAA AATACAAATT	1380
	ATAAATGGC AAAC TACTTG AGTAGATGAG TGGTCTACCG TGATTAATTA aCATATCCtT	1440
15	CaCATCaTTT GaACTKaAAA TcACACCCCC GTATGCACCA CATGCTTTAG ATAACTAGA	1500
	AGTGAGTATA TCTACACCTT GATAATTCGA GTAAeTCTCT ATtCCAAAAC TATGTGAAAC	1560
20	ATCGAGTATC AGTGTTGCGT TAnATTATG CTTTAATGAG ACTAATGAC CAATATCCAC	1620
	AACGTCGCCA TTCGTTGAAA ATACACTATC AGATATGATT ATTTTGGTA TATTTTGATT	1680
	AGGGTATTTT TCTAACCTTT TTTCTAAATC AGCAATATCT AAATGCTTAT ATATCACTTT	1740
25	TTCTAAACCA CTTAACTTAA TACCGTCAAT AATACTCGCA TGATTTTCTT GATCTGAAAA	1800
	CACGACACAA TTTGTATTTT TGAAAATATT AAATAACGCC AAATTAGCAT CATAACCACT	1860
	ATTTAAGATA GTACATGcAC TATATCCGAG CCAACCTGCT AACATTGTTT CAATTTCTTC	1920
30	ATAAGCTGTC GAACTTCCAC TAATTAATCT TGAACCTGAT AAGTGATAAC TATACTTCCG	1980
	CATAAACTTT TCGAAATCAT CCTTATCAAA CGCTATTTGA CCTAATCCTA AATAATCATT	2040
	AGATGTATAG TTCGTACATC TCTTATTTTC TACTTCAATA TACTGTCTAT CTATATACCC	2100
35	TACCGATTTA AGCGACCGAT ATAACCCTTT CTGTGTAAAT AAATCAATTT GCTCTTGAAA	2160
	CTTCATTCTT GTTTTCCTTA TTTTCACAAG TGTCATAATC AATTTCAAAG CCTAAATCAT	2220
40	TAATCATATC GTAGTCTAAT TGGTTCGGTT GCCCACCAGT AATTAGATAA TnCACCGACA	2280
	AATATTGAAT TCGCCGCTTT TAATGCTAAT GGCTGTAACG AACGTAAGTT GACCTCTCTT	2340
	CCTCCAGCAA TACGAATTTT TTTCTAGGA TTGATTAATC GGAATAATGC TACGATTCTT	2400
45	AAACATTTCA TTGGTGTTAA ATCATCCATG CTTCCAAACT TTGTGCCTTT GATTGGATGC	2460
	AAAAAATTAA TCGGAATACT GTCGGCATCC ATTTCTTTTA AAGCAAATGC CATATCAACA	2520
	ATATCTTGAT TAGATTCTCC CATACCACAA ATCAGCCAG AACATGGTGA TATATTATTC	2580
50	GCTTTCATTA GTTCTATCGT ATCTGTTCTA TCTTTATAAC TATGCGTTGT CACGACGTTA	2640
	TCATGGTAAT TTTCACTTGT ATTAATATTG TGGTTATATC TGTCTACACC AGCTGACTTA	2700
55		

TGTGAGATT TAATCGTTCT TACAGTATTA CTAATATGAT CAACTTCTTT ATCGCTCGGT 2820
 CCTCTACCAC TCATAACAAT ACAATATGTT CCAATATGAT TATCATGTGC CACCTTTGCT 2880
 5 CCATCGATAA TTTGTTCCCTC TGGAAATTAA GCATATCGCT GTTTTGTGTT AATATCTCGT 2940
 GATTGTCCAC AGTACCCACA ATTTTCAGGA CATATACCAC TTTTAGCATT TAAAATCATG 3000
 TTTAATTTTA CTTTTTTACC AAAATAATGT TTTCTTAAAA TGTACGCCTC ATTTAATAAA 3060
 10 TCTAAGGTAT CAATATTAGT ATCCTCATAA ATtTTCAATA CAGTCTCTTT TGTtAATTGT 3120
 tCCCCTTGTA ATATGCGTTT AGCCAAATTC ATATTAACAC TTCCTATCTA AAA 3173

15 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 339:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1694 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 20 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 339:

25 CGATTATCCA TTAATACAAC CCTAAGTAA TGTATAAAAA TTATCTTCCA CAAACTTCAA 60
 CAAAAGCCTA AATAAATTAC AGCAATTTAT CAAATATTGC TTACTTTGAT TTTATGAAAT 120
 nACTTAATTC TAACACATAC TAAATCATCA TATACTAATT CGAAATCAAA TGCATTTAGA 180
 30 GATAATCaAA ATGCGGAAAC ATCTCCaATA ATCAATAATC TATTCCCAAT AAATATGAAT 240
 GTTCTCAACA ATACATTATT TATATCTCTT TACACTGTCA TCGACAAAAA CTAAATCTTT 300
 CACTTTCAAT TTCGAACGTG GTTCTACGAC ATTTGCTGCT ATATCATTTA ATGGGATTAA 360
 35 AACAAATGCA CGTTCATTCA TTCTCGGATG TGGCACCGAC AGTTTGGTA AATCTATCAT 420
 TTCTTCTCCA TACAACAAAA TATCCACATC TAAAGTTCTA GGACCCCATC GTTCCTTTCT 480
 AATACGGTGT AACATTCTT CTGTCKTCAA ACAACATTCC AACAGTTGTA ATACTGTGAG 540
 TGTGTTTTsa ATTTCAACAC ACAAATTTAA AAAGTTAGGT TGCTCAGTAT ACCCAACTGG 600
 TGCTGTTTCA TAAATCGGAG AAATAtTAGA TACGTTAATA CCATCATATT CATTCaAAAT 660
 45 CTTyATAGCA TCGTTTAACT GGCTTCTCT ATCACCaTa TTACTACCTA AycCTAAGTA 720
 TGCTTGAATC ATyTATTCTC CCTCACTATT TCGATACCTA CTCCATCATA ATGACCCGGA 780
 ATCGGTGGGT TTTCTTTAGT GATTCTCACT TTCGTTTCCA TTACACGATT ATATTGTGAA 840
 50 TTTATACGAT TTGCAATACG TTCAGCTAGA TGCTCAAGTA AATTAACGGC CTTACCTTCC 900
 ATAATTGATT TAACCTCTTc GAACACTTCA CCATAATGAA CTGTATCAAT AACATTATCA 960

55

ATTTTCATTTT CAGCTGATAA AGCACCATGA TATCCATAAA AGCGCATACC TTTAAGAAAG 1080
 ATTGTGTCTT GCATTTTCAT TCTCCTTTAA AAAATCTATA CCTTTAGCTA ATTTAGCATT 1140
 5 CAACTCGACA TTATGAACGC GACTGCTCT AACGCCTTC ATAATACCAT ATGCAGTCGT 1200
 AGCTGCAGTT ACTTCATCTC TTTCAACCGG TGTTGTATCA TAACCCATCA TCTCTTTAGT 1260
 GAAACGTTTC CGGCTTGTCG CTAATAAAAC TGGATATTCT GTTGCAACAA GTTCATCCAG 1320
 10 TCTTGCCATA ACTTCGGCTT CTTCAATTTCT AGTTTTAGCG AAACCTATAC CTGGATCTAG 1380
 CCAAATTTTA TTTGAAGGTA TACCAGCTAT TTTAGCTTGA TGTGCTTGTG CTAACAAAGA 1440
 TGTTAACATT TCTTCGACAA CCGGTTTCATC ACGATTACCA TTTCCATTAT GCATTAAAAT 1500
 15 AATTTCCGCG TCATATTTAG CTACAATTTG GAACATACGA TGATCATACA GACCgCCcAT 1560
 tGATCATTAA TCATATCAAC GGCTAATTTT AAACATGCTT CAGCAACCTC ACTTCGAAAT 1620
 20 GTATCGACTG AAATTTTTTA CATCAaAACC GACAATAGCT TCAaCAACAG TAATACTCTG 1680
 TTCCATCTCT TCTG 1694

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 340:

25 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1358 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

30

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 340:

35 AGCATTTCTT TTCTATAAAC ATTTAATTGA ACATTATTAA GTACACTATT ACTATAGTCA 60
 CTATATTGAA CaCATACCTC ATTTAATTCT AATAGCGGT CAGATTTGTA CTTATTATCA 120
 TTATTTGCAG ATGTTTCATC TATCCATTTT TTCACTTTAA ATTTAACATG TTCACTCATA 180
 40 CAAACGTCAC GTAAATTCGC TAAGTTATCA ATGGATTGCA CATCTACTTC TGCATATTTA 240
 AGCGCTGTAC AGTATAATGG TTCACGTATG CCTGCTTCTT TAAGCTTAGA TGATTTTAGC 300
 AAATCACTAG GCGTTGTATT AGCGATGATT TTTCCATCTT TAAAAAGAAG AACTCTATCA 360
 45 AACGTATCAT CTAATGATTC TTCTAATCGA TGTTGACAA TAATCATCGT TGACTTTGTT 420
 TCTTCATGAA TATTGTTTAA CAATCTCAGC GTTTCATGTC CTGTGCGAGG ATCTAAATTG 480
 GCCAGTGGCT CATCCAATAT TAAAATAGGC GTACGATGGA TTAATATACC ACCTAATGAA 540
 50 ACGCGTTGTT TTTGACCTCC AGATAAATCT TGCGGTCGGT GATTTAAATG TTCTATCATG 600
 CCAACTTTTT CAGCCCAATA ACTTACATTT TTCTTCATAT CATCTTGTTT AACACAATTA 660

55

TCTTGTA AAA CTGTACCAAC AACATTAGAT CTATCATGTA AACAACTAAC GGTGTCATCT 780
 TGATTATTTA TATATAGTTC CCCAGTTATG TTACCTTTAG TTTTAAATGG AATTAATCCG 840
 5 TTTATGCAAT TTGCAAAAGT CGATTTACCA CTACCCGAAG CACCAACTAC TAATACTTTT 900
 TCTCCTGGAT AAATATCAAC ATTTATATTC TGTAATGTAG GTGTTGCTTG ACTATGATAT 960
 TGAAAATAA AGTCTTTGAA CGAGATAATT GGTTCAGTCA TGATATATCA TTACCTTTCT 1020
 10 ATATTCATTT ACATATCTGA TTCAACAAAA TAACTATTCC TTACGTAAAC TACCTTTTTT 1080
 AATTTGAGAT GAAGCATATG CTTTAAATAA TATTGTCCCA ATAATGCCAA CTGAAATAAT 1140
 ATTTAATACT GCAGAGATAA CACCTGTGT ATAAACCTTG TTAGCTGGTT CGTTATAAAT 1200
 15 CAAAATATCT AATGTTGGTG CAATAAGTGC CCAGCAAATA ATATTCGCAA TAATTGACC 1260
 GATATTAAAA TAAACCATCG ATTCCTAGA AAATCGGCCT GAAGAAAGAT TTAATTTTAG 1320
 20 TCCAATCCAG CCATATAAAC AGCCTATAAT TCCCAGAG 1358

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 341:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

25 (A) LENGTH: 4557 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 341:

TAGAAGAATT GGAGAAAATG CTAATTCAAT TGTCAACATT CCATAGTTAT CATGATTTAG 60
 AGTTTCTATT TGTGACACGT GAAGATGAAG TTGAACATT GAAATGGGCA CGTTGGTTGC 120
 35 CACATATGAC ATTGAGAGGG CAAAACATTA GAGGATTGT TTACAATCAA CGAACGCGTG 180
 ACCAAATTTT AACGTCAATT TATAGCATGA TTAAAGAACG TATCCAAGCT GTGCTGAACG 240
 40 CAGCAGAAGT AATGAGCAAA TTATTTTCAC ACCGCAATTA GTGTTTGTCA TTACAGATAT 300
 GTCATTAATT ATTGATCATG TCATTTTAGA ATATGTAAAC CAAGATTAT CAGAATATGG 360
 TATTTCAATTA ATCTTTGTTG AAGATGCGAT TGAAAGTTTG CCAGAGCATG TAGATACCAT 420
 45 TATTGATATC AAGTCTCGTA CTGAAGGCGA ACTGATTACG AAAGAAAAAG AATTAGTTCA 480
 ATTGAAATTT ACACCTGAAA ATATTGTAA CGTCGATAAA GAATATATCG CGCGACGTTT 540
 GGCGAATTTG ATACACGTCG AACATTTGAA AAATGCAATT CCTGATAGTA TTACATTTT 600
 50 AGAGATGTAT AACGTGAAAG AAGTAGATCA GCTTGATGTG GTTAATCGAT GGAGACAAAA 660
 CGAAACATAC AAAACGATGG CAGTACCTTT AGGTGTAAGA GGTAAAGATG ATATTTTATC 720

	AGGGAAATCT GAGATTATCC AATCATACAT TTTATCTTTA GCTATTAATT TTCACCCCTCA	840
	TGAAGTTGCA TTCCTATTGA TTGACTATAA AGGTGGGGGT ATGGCGAACT TATTTAAAGA	900
5	TTTAGTCCAT TTAGTTGGTA CGATTACAAA CTTAGATGGC GATGAAGCGA TGCGTGCCCTT	960
	AACATCAATC AAAGCCGAAT TGAGAAAACG TCAACGTTTA TTCGGAGAGC ATGATGTTAA	1020
	CCATATTAAT CAATACCATA AGTTATTTAA AGAAGGTATT GCGACAGAAC CAATGCCACA	1080
10	TTTATTTCATT ATTTCCGATG AGTTTGCCGA ATTAAAATCA GAACAACCTG ATTTTATGAA	1140
	AGAACTTGTA TCAACGGCAC GTATTGGACG TTCGTTAGGT ATTCATTTAA TACTTGCGAC	1200
	ACAAAAACCA TCGGGTGTTG TTGaTGACCA AATTTGGTCT AACTCTAAAT TTAAGTTGGC	1260
15	ATTAAAAGTA CAAGATAGAC AAGACAGTAA TGAAATTTTA AAAACACCAG ATGCAGCAGA	1320
	CATTACmTTA CCaGgTCGTG CGTATTTACA AGTTGGTAaT AATGAaATTT ATGAATTATt	1380
20	CCAATCTGCA TGGAGTGGTG CAACATATGA CATCGAAGGC GATAAATTAG AAGTTGAAGA	1440
	TAAGACGATT TACATGATTA ATGACTATGG TCAACTTCAA GCAATCAACA AAGACTTGAG	1500
	TGGACTTGAA GATGAAGAAA CGAAAGAAAA TCAAAGTACG TTAGAAGCGG TCATAGATCA	1560
25	TATCGAATCT ATTACAACAC GATTAGAAAT CGAAGAAGTT AAGCGTCCAT GGCTACCACC	1620
	ATTGCCAGAA AATGTATATC ArGAAGATTT AGTAGAAACa GATTTcAGAA AATTATGGTC	1680
	AGATGATGCA AAAGAAGTGG AATTAACATT AGGACTTAAA GACGTACCAG AAGAACAATA	1740
30	TCAAGGACCG ATGGTATTGC AATTGAAAAA AGCTGGGCAC ATCGCGTTAA TCGGAAGTCC	1800
	AGGATATGGT AGAACAACGT TCTTACACAA CATTATTTTC GATGTTGCAA GACACCATCG	1860
	TCCTGATCAA GCACACATGT ACTTGTTCTGA TTTCGGTACC AATGGTTTGA TGCCAGTTAC	1920
35	AGACATACCA CATGTCGCTG ATTACTTTAC AGTAGATCAA GAAGACAAGA TTGCTAAGGC	1980
	GATACGTATA TTTAATGATG AAATTGATCG TCGTAAGAAG ATTTTAAGTC AGTATCGTGT	2040
40	CACTAGTATT TCTGAATATC GAAAATTAAC TGGTGAAACA ATTCCGCATG TCTTTATTCT	2100
	TATTGATAAC TTTGACGCAG TAAAAGATTc ACCTTTCCAA GAAGTTTTTG AAAATATGAT	2160
	GATTAAAATG ACGCGTGAAG GGCTAGCATT AGACATGCAA GTAACCTTAA CTGCTTCAAG	2220
45	AGCTAACGCT ATGAAAACAC CAATGTACAT TAATATGAAA ACGCGTATCG CAATGTTTTT	2280
	ATATGATAAA TCAGAGGTGT CGAACGTAGT AGGACAGCAA AAATTTGCGG TTAAAGATGT	2340
	TGTGGGTCGA GCATTGTTAA GTAGTGATGA CAACGTATCA TTCCATATTG GCCAACCATT	2400
50	TAAACATGAT GAGACCAAAT CATATAATGA TCAAATTAAT GATGAAGTAT CGGCGATGAC	2460
	AGAATTTTAT AAAGGTGAAC ACCAAATGAT ATtCCTATGA TGCCAGATGA AATTAAATAT	2520
55		

	GGATTAGATT ATGAAGGTGT TACACTACAA AAAATTAAAT TAACTGAACC AGCAATGATT	2640
	TCATCAGAAA ATCCGAGAGA AATTGCGCAT ATTGCTGAAA TTATGATGAA AGAAATTGAC	2700
5	ATATTAAATG AAAAATATGC GATTTGTATC GCAGACTCAA GTGGAGAGTT TAAAGCTTAT	2760
	AGGCATCAAG TGGCTAACTT TGCCGAAGAA AGAGAAGACA TTAAAGCGAT TCATCAACTA	2820
	ATGATTGAAG ACTTAAAGCA AAGAGAAATG GACGGCCCAT TTGAAAAAGA TTCACCTTAT	2880
10	ATTATCAATG ATTTTAAAC ATTTATTGAT TGCACGTATA TTCCGGAAGA TGATGTTAAA	2940
	AAGCTTATTA CAAAAGGACC AGAACTTGGC TTGAACATTT TATTTGTCGG CATTCATATA	3000
	GAATTAATAG ATGCTTATGA TAAACAGATT GATGTTGCAC GTAAAATGAT TAACCAATTT	3060
15	AGTATAGSTA TTCGTATTTT AGACCAACAA TTCTTTAAAT TTAGATTTAT TCAACGAGAA	3120
	CCTGTTATTA AAGAAAATGA AGCATATATG GTCGCAAACC AAGCTTATCA AAAGATTAGA	3180
20	TGGTTTAAAT AGCAATGAAT TAAATAGGAG GGAGGTATGT TATGAATTTT AATGATATTG	3240
	AAACAATGGT TAAGTCGAAA TTAAAGATA TTAAAAAGCA TGCTGAAGAG ATTGCGCATG	3300
	AAATTGAAGT TCGTTCTGGA TATTTAAGAA AAGCTGAACA ATATAAGCGA TTAGAATTTA	3360
25	ATTTGAGTTT TGCACTAGAT GATATTGAAA GCACAGCAA GGACGTACAA ACTGCAAAAT	3420
	CTAGTGCTAA TAAGGACAGT GTAAGTGTTA AGGGAAAGGC GCCCAATACG TTATATATTG	3480
	AAAAAAGAAA TTTGATGAAA CAAAAGCTTG AAATGTTGGG TGAAGATATC GATAAAAATA	3540
30	AAGAATCCCT CAAAAAGCT AAGGAAATTG CTGGCGAAAA GGCAAGTGAA TATTTTAATA	3600
	AAGCAATGAA TTAATATTGA GGTGAAGATA TGGGTGATA TAAAGGTATT AAAGCAGATG	3660
	GTGGCAAGGT TGATCAAGCG AAACAATTAG CGGCAAAAAC AGCTAAAGAT ATTGAAGCAT	3720
35	GTCAAAAGCA AACGCAACAG CTCGCTGAGT ATATCGAAGG TAGTGATTGG GAAGGACAGT	3780
	TCGCCAATAA GGTGAAAGAT GTGTTACTCA TTATGGCAA GTTTCAAGAA GAATTAGTAC	3840
40	AACCGATGGC TGACCATCAA AAAGCAATTG ATAACTTAAG TCAAAATCTA GCGAAATACG	3900
	ATACATTATC AATTAAGCAA GGGCTTGATA GGGTGAACCC ATGATGAAAG ATGTTAAGCG	3960
	AATAGATTAT TTTTCTTACG AAGAATTAAC AATTTTAGGT GGTAGTAAAT TGCCTCTCGT	4020
45	AAATTTTGAA TTGTTTGATC CATCAAATTT TGAAGAAGCT AAAGCTGCTT TAATTGAAAA	4080
	GGAATTAGTA ACAGAGAATG ACAAGTTAAC TGATGCAGGT TTAAAGTGG CTACATTAGT	4140
	CAGAGAGTAT ATTAGCGCCA TTGTAAATAT TCGAATTAAT GATATGTATT TTGCACCATT	4200
50	TAGCTATGAA AAAGATGAAT ATATTTTGTT AAGCCGGTTT AAAAATAATG GGTTCAAAT	4260
	ACGAATTATC AATAAAGACA TTGCATGGTG GTCGATTGTA CAATCATATC CTTTATTGAT	4320

55

CTTAAATAAT GAAAGTATCG ATACGATTGG GCGTGTTTTA GAAATTGAAA TATACAATCA 4440
TCAAGGTGAC CCTCAACAAA GTTTATATAA CATTTATGAA CAAAATGATT TGTTATTCAT 4500
5 TCGATACCCA TTAAGAGATA AAGTGCTGAA TGTTTCATATT GGTGTCATTA ATACATT 4557

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 342:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3931 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 342:

TTGAGTGACT TTATTGAAGC GCGTGTAGAA GAAATATTCT TCGAAGTATT TGATGTTTTA 60
20 CAAGATTTAG GATTAACAAA AGTAAATGGT GGGTTTATTG TAACTGGTGG ATCTGCAAAC 120
TTACTTGGCG TAAAGAATT ATTATCAGAT ATGGTAAGTG AAAAGTTAG AATTCACACG 180
CCATCACAAA TGGGAATTAG AAAACCTGAA TTTTCTTCAG CAATTTCTAC AATTTCTAGT 240
25 AGTATCGCTT TTGATGAGTT ATTAGATTAT GTTACAATTA ATTATCATGa TAATGAAGAA 300
ACTGAAGAAG ATGTTATTGA TGTGAAAGAC AAAGATAACG AATCTAAATT AGGCGGaTTT 360
GaTTGGTTTA AACGTAAAC AAACAAAAAA GATACTCATG aAAATGAAGT AGAGTCAACA 420
30 GATGAAGAAA TTTATCAATC AGAAGATAAT CATCAGGAAC ATAAACAGAA TCATGaACAT 480
GTTCAAGACA AAGATAAAGA TAAAGAAGAA AGTAAATTCA AAAAATAAT GAAATCTCTA 540
TTTGAATGAT TATTGGCCAA TAAACTAGG AGGAAATTTA AATGTTAGAA TTTGAACAAG 600
35 GATTTAATCA TTTAGCGACT TTAAAGGTCA TTGGTGTAGG TGGTGGCGGT AACACGCCG 660
TAAACCGAAT GATTGACCAC GGAATGAATA ATGTTGAATT TATCGCTATC AACACAGACG 720
40 GTCAAGCTTT AAATTATCT AAAGCTGAAT CTAAAATCCA AATCGGTGAA AAATTAACAC 780
GTGGTTTAGG AGCAGGAGCT AATCCTGAAA TCGGTAAAAA AGCTGCAGAG GAATCTCGTG 840
AACAAATTGA AGATGCAATC CAAGGTGCAG ACATGGTATT TGTTACTTCT GGTATGGGTG 900
45 GCGGAAGTGG TACTGGTGCA GCACCAGTCG TTGCTAAAT TGCAAAAGAA ATGGGCGCAT 960
TAACTGTTGG TGTTGTAAT CGTCCATTTA GTTTTGAAGG ACGTAAACGT CAAACTCAAG 1020
CTGCTGCTGG AGTAGAAGCT ATGAAAGCTG CAGTAGATAC ATTAATCGTT ATACCAAATG 1080
50 ACCGTTTATT AGATATCGTT GACAAATCTA CGCCAATGAT GGAAGCATTT AAAGAAGCTG 1140
ACAACGTGTT ACGCCAAGGT GTACAAGGTA TCTCAGACTT AATCGCTGTT TCTGGTGAAG 1200

	GTATTGGTGT TTCTTCTGGT GAAAATAGAG CGGTAGAAGC TGCTAAAAAA GCAATCTCTT	1320
	CTCCATTACT TGAAACATCT ATCGTTGGTG CACAAGGTGT GCTTATGAAT ATTACTGGTG	1380
5	GCGAGTCATT GTCATTATTT GAAGCACAAG AGGCTGCTGA TATTGTCCAA GATGCTGCAG	1440
	ATGAAGACGT TAATATGATT TTCGGTACAG TTATTAATCC TGAATTACAA GATGAGATTG	1500
	TTGTAACAGT TATTGCAACT GGTTTTGATG ACAAACCAAC ATCACATGGT CGTAAATCTG	1560
10	GTAGCACTGG ATTCGGAACA AGCGTAAATA CTTCTAGCAA TGCAACTTCT AAAGATGAAT	1620
	CATTCACTTC AAATTCATCA AATGCACAAG CAACTGATAG TGTAAGTGAA AGAACACATA	1680
	CAACTAAAGA AGATGATATT CCTAGCTTCA TTAGAAATAG AGAAGAAAGA CGTTCAAGAA	1740
15	GAACAAGACG TTAATCGGTT AATATATATA CACAAATAAT TCAACACAAA TCATCAGATA	1800
	ACATATCTGA TGATTTTTTT ACTAATTTTT AGAACATGTA GAAGGACATT TAAGTTTTTC	1860
20	AAAGTTATTA AAAGTGTTTA AGTATCGTGT GAAAATTAAG TCaaaaatta TTTGCGCAAC	1920
	ATTTTAACTT TAAACATAAA TGTTATATTA TATAATTATT AACTTTGTAC AGTTAGACGA	1980
	AGATAATTTA AATGAAATGA TGGTGACGAT CGAGTGAATG ATAATTTTAA AAAGCAACCG	2040
25	CATCATTTAA TATATGAAGA GTTATTACAA CAAGGTATTA CTCTAGGTAT TACAACTAGA	2100
	GGAGATGGTT TAAGTGACTA TCCTAAAAAT GCTTTTAAATA TGGCGAGATA TATTGATGAT	2160
	CGCCCATATA ATATTACTCA ACATCAATTG CAATTAGCTG AAGAAATTGC GTTTGATAGA	2220
30	AAAAATTGGG TGTTTCCCAT TCAAACACAT GAAAATAAAG TCGCTTGTAT TACAAAGGAT	2280
	GATATAGGCA CAAATATAGA CACTTTAACT GATGCGCTTC ATGGTATTGA TGCGATGTAC	2340
	ACATATGATA GTAATGTCTT ATTAACGATG TGTTATGCAG ACTGTGTACC AGTATATTTT	2400
35	TATAGTACAA AACATCATTT TATTGCATTG GCGCATGCAG GTTGGCGTGG TACCTATACT	2460
	GAAATTGTAA AAGAAGTGCT AAAACATGTG AACTTTGATT TGAAAGACTT ACATGTCGTT	2520
40	ATTGGACCAT CTACATCATC AAGTTATGAA ATTAATGATG ATATTAAAA TAAATTTGAA	2580
	ACATTGCCAA TTGATAGTGC CAACTATATT GAAACTAGAG GACGAGATCG TCATGGTATT	2640
	GATTTGAAAA AAGCCAATGC TGCATTATTA ATTTATPATG GTGTTCTTAA AGAAAATATT	2700
45	TATACGACAG CGTATGCTAC ATCTGAACAT TTAGAATTAT TTTTCTCTTA TCGATTAGAA	2760
	AAAGGTCAAA CAGGACGCAT GTTAGCATTC ATTGGTCAAC AGTAAACAAG GAGGAGATAT	2820
	GTTTGCGTGT GAAAGATAAT TTACAACAAA TCTCAACACA AATTAATGAC AAAAGTGAAA	2880
50	AAAATAATTT TTCAACAAAA CCAACGTGA TTGCAGTTAC AAAATATGTT ACAATAGAGC	2940
	GAGCTAAAGA AGCGTATGAG GCTGGAATAA GACATTTTGG TGAGAATAGA TTGGAAGGCT	3000
55		

AATCTCGAAA AGTTAAGGAC GTTATAAACG ACGTAGATTA TTTCCATGCT TTAGATCGAT 3120
 TGAGCTTAGC CAAAGAAATT AACAAACGTG CAGAACATAA AATTAAATGT TTCTTGCAAG 3180
 5 TGAACGTTTC GGGAGAAGCT TCTAAACATG GTATTGCTTT AGAAGATGTT GATCAGTTTA 3240
 TAGATGATCT TAAAAAATAT GACAAAATCG AAATTGTAGG TTTAATGACG ATGGCACCAT 3300
 TGACAGATGA TGAAGCATAT ATTAGATCGT TATTTAAACA GTTACGTTTG AAAAAAGAAG 3360
 10 AAATACAACG ACTCAATTTA GAATATGCGC CTTGTGATGA ATTATCAATG GGAATGAGTA 3420
 ATGACTATCT TATTGCAGTT GAAGAAGGTG CGACGTTTGT TAGAATTGGG ACTAAACTTG 3480
 TAGGAGAAGA GGAGTGAGCC ACTTGGCTTT AAAAGATTTA TTTAGTGGAT TTTTGTAAAT 3540
 15 AGATGATGAA GAGGAAGTAG AAGTACCTGA CAAACAACAA CAGGTAAATG AAGCGCCAGC 3600
 AAAAGAGCAG TCACAACAAA CAACAAAACA AAACGCAATC AAATCAGTCC CTCAAAAATC 3660
 20 TGCATCAAGA TATACAACAA CGTCAGAAGA AAGGAATAAC CGTATGTCTA ATTATTCAAA 3720
 AAATAATTCA CGTAATGTTG TAACTATGAA CAATGCTACA CCAAACAATG CATCACAAGA 3780
 AAGTTCAAAA ATGTGTTTAT TCGAACCACG TGTTTTTTCA GATACACAAG ATATTGCTGA 3840
 25 TGAGCTTAAA AACC GCCGTG CGACACTTGT CAATTTACAA CGTATTGATA AAGTATCAGC 3900
 GAAAAGAATT ATTGATTTTT TAAGCGGTAC T 3931

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 343:

- 30 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 3150 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 35 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 343:

40 AATTGTCGGG GGA CTCTTAG GTTTTGT CAT GCAAAGAACA AGATTTTGTT TAACAGGTGG 60
 CTTTCGAGAT ATGTATGTGC AAAAGAATAA TAAGATGTTC TATGCATTAT TAATCGCTAT 120
 TACTATTCAA AGTATAGGAT TATTGATTTT GACGGCAACA GATATTTTAC AAATTCCTGC 180
 45 ACATAGTTTT CCAATATTGG GAACAATTAT AGGTTCTTTT ATTTTGGAA TTGGAATAGT 240
 ATTGGCTGGA GGATGTGCAA CAGGtACITG GTATCGCGCT GGTGAAGGGC TAATTGGTAG 300
 TTGGATTGCA TTAGTATTAT ATGCTGTTAC TGCAGCAATC ACTAAAACAG GGATTTTAAA 360
 50 GCCAGTAATG GATAAAATTA ATCAACCAAC GAATGTAAAT AGTGATATGT CTCAAACAAC 420
 TGGCATTCCG TTTTGGGGAT TAGTCGTTAT ATTA ACTATA ATCACCATT TTTAGTTGT 480

55

	AGGTATTAGA TATTACCTTT TCGAAAAACG ATACCATCCA TTTATTGCAG CAATTGTAAT	600
	TGGACTTATC GCACTCTTAG CTTGGCCAAT GAGTGCATCA ACTGGAAGAA ATGACGGTTT	660
5	AGGTATAACA ACGCCTTCAG CAAATTTAGT ACACTTTTTG ATTACAGGTG AAACTAAAT	720
	TATTGATTGG GGTGTCTTTT TAGTTCTAGG AATTTTCATT GGTTCATATA TTGCAGCTAG	780
	AGGATCAAGA GAATTTAAAT GCGGATTGCC AGACAAGATT ACAATACGAA ACAGTGCCAT	840
10	TGGTGGCATA TGTATGGGAT TTGGTGCGTC AGTTGCTGGT GGTGTCTCTA TCGGTAACGG	900
	TTTGGTTGAA ACGGCAACGA TGA CTGGCA AGGATGGATT GCGCTAgCAT gCGATGATAG	960
	TTGGTGTATG GACAATGAGT CATTTTATCT TTGTTCTGCC AATGAAAAAA GTACACCAAC	1020
15	AATCTGCAAA GGTTAAACAG CAAACGCAAA TAGTATAGAA GATTATTATG CAAATGATGT	1080
	TGATCAAATA AAAGTGATTG GAAAAGGAGA AATAATTATG ATACACGAAT TAGGTACAGT	1140
20	AGGAATGGTA TGTCCATTTT CGTTAATTGA AGCGCAAAAG AAAATGGCAA CATTGCAATC	1200
	TGGAGATGAA TTAAAAATTG ATTTTGATTG CACGCAAGCG ACGGAAGCCA TTCCAAATTG	1260
	GGCTGCAGAA AATGGTTATC CTGTAACAAA CTATGAACAA ATTGATAATG CTTTCATGGAC	1320
25	AATTACAATT CAAAAAGTTT AACGTTATCA TTTTAAACAAT AAAATAGATA TTAGATTCTA	1380
	TGGCTACTTC CGCTAATTTA AAAGTGAGTA AGTAGTCTTT TTTTTTTTAG TTCATGAAAT	1440
	CATTTTTTATA TAGTGTGGCA CATTTTATTC CAAAAGATGT AATAAAACTT AACGCATTTT	1500
30	TGCTTTTTAT AAATTGTCAG ATTATTATGA AAAAAAGGGA GTGGTAAGTA TGAATCTTAA	1560
	CGATACGATA TTTATGTTTT TGTGTACATT ATTAGTTTGG TTAATGACAC CAGGATTAAG	1620
35	TTTATTTTAT GGTGGGTTAG TTCAATCTAA AAATGCGCTT AATACTGTCA TGCAAAGTAT	1680
	GGCAGCAATT GTGCTTGTTA CATTGTATG GATAACAGTT GGTTTTACAA TTAGTTTGG	1740
	GAATGGGAAT TTATGGTTTCG GAAATGGGA ATATACTTTT CTTAATCATG TAGGTTTTC	1800
40	GACTCAAGAA GATATTAGCC CACATATTCC TTTCGCTTTG TTTATGTTAT TTCAAATGAT	1860
	GTTTTGTACG ATTGCAATTT CTATTTTATC TGTTTCAATC GCTGAGAAAA TGAAGTTTAT	1920
	TCCTTATTTA TTATTCGTAG TAATATGGAC TGCTCTTGTA TACAGTCCAG TAGCACATTG	1980
45	GGTTTGGGGC GCGGGTTGGA TTAACAAACT CGGTGTATTA GATTCGCTG GAGGTACGGT	2040
	TGTTTCATATT ACATCAGGTG TTTCTGGTTT AGTATTAGCT ATTATGATTG GAAAAGGAAA	2100
	CAAACATTCT GAATCAACAC CACATAATCT TATCATACG TTGATTGGCG GTATATTCTG	2160
50	GTGGATTGGT TGGTATGGAT TTAATGTAGG TAGTGCTTTT ACATTGATA ATATTGCGAT	2220
	GCTTGCATTT ACAAATACTG TCATTTTCAGC CAGTGCAGGT GCTATAGGTT GGTTAATTTT	2280

55

5 ATTAGTTGTC ATTACTCCTG CAGCAGGATA TGTAACATAT CTTAGTGCAA CAATAATGGC 2400
 TTTAATAGGA GGTATCTGTT GTTATATTGT CATTAATTAC ATCAAGGTAA AACTAAAATA 2460
 10 TCATGATGCA TTAGATGCAT TTGGTATTCA TGGTGTGGT GGTATTATTG GTGCTGTTTT 2520
 AACAGCAGTT TTCCAAAGTA AAAAAGCCAA TCCTGACATT GAGAATGGCT TTATTTTATAC 2580
 TGGTGACATA CATATTATAC TTGTACAAAT ATTATGTGTA ACAGCAGTTG TAATTTTTAG 2640
 15 TATAGTCATG ACGTTTATTA TTGCGAAAGT AATTAAATTa ATTACACCAT TATCTGTTAC 2700
 GGAACAAGAA ACGAATATAG GATTAGACAA GATTGTTCaC GGTGAACATG CTTACTTTGA 2760
 AGGTGAGCTA AATAGATTCA ATAAACATAT TCGATATTAG AATATATTTA CATAGAATAT 2820
 TCATTGTCCT GACATTTAAC TAAAGGTTGA TGTTGGGACA TTTTGTTATA CAAAAGTTTT 2880
 ATTTTGAAAT CTTTTTATGA AAGAAGCAGA AATATTATTT AAAGCGGTTA CACATATGCT 2940
 20 AAAATAAGGC TAAGTGTCAC AAATAATGAT AGGTGAATAA GTATGAAAAA TATATCTGAT 3000
 ATTGCCAAAT TGGCAGGCGT TTCAAAAAGT ACAGTATCTA GATTTTTTAA TAATGGATCT 3060
 GTCAGTAAAA AAACAAGTGA AAAATTAACA AGAATTATAG CAGAACATGA CTATCAACCG 3120
 25 AATCAATTTG CTCAAAGTTT AAGAGCGAGA 3150

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 344:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3719 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 344:

35 GTTATAGTGA AATTGACTCA TCACATTTCA CAGACCGTGA CAAACGCGTT ATTAGACGTG 60
 40 ATCATGTTAA AGAAGCACAA AGCTTAGTAG AGAACTATAA AGATACACAA AGTGCTGATG 120
 CTAGGATGAA AGCCAAACAA AAAGTTAACA CATTAAGCAA ACCGCATCAA AACTATTTCA 180
 ATAAACAAAT TGATAAGGTT TATAATGGAT TACAACGCTA ATCCAAAGTA AATTATAAGT 240
 45 TATACATCTC GTTTTTAAAT GACAATTTAT CCCCCTAAAT ATTATAAATA ATCTTTTCAA 300
 ATTCCACATA GATATAGAGA CACTAATAAA CCTCTTTGTC TCGATATGAT AGTCTGCAAC 360
 GATTCATGTT GTAGGCTTTT TAATTTTACA AATAAGGCTA AATATATAAG TTCTGGCACC 420
 50 TAAAATATAG AAAATACATA AAAGTAAGTA TAGTTATTTT ATTATAATTA TTAAATTTTT 480
 ATTAATTAAT TGTA AAAAATG TATAATTATA ATTAATTAAC GTTAAATATT AAAATTAAC 540

	ATCGTTTCAA TATTACTTAT AGGGATGGCT ATCAGTAATG TTTGAAAGG GCAATACGCA	660
	AAGAGGTTTT TCTATTTTCG TACTAGTTGT TTAGTGTTAA CTTTAGTTGT AGTTTCAAGT	720
5	CTAAGTAGCT CAGCAAATGC ATCACAACA GATAATGGCG TAAATAGAAG TGGTTCTGAA	780
	GATCCAACAG TATATAGTGC AcTTnCAACT AAAAAATTAC ATAAAGAACC TGCGACATTA	840
10	ATTAAAGCGA TTGATGGTGA TACGGTTAAA TTAATGTACA AAGGTCAACC AATGACATTC	900
	AGACTATTAT TGGTTGATAC ACCTGAAACA AAGCATCCTA AAAAAGGTGT AGAGAAATAT	960
	GGTCCTGAAG CAAGTGCATT TACGAAAAAA ATGGTAGAAA ATGCAAAGAA AATTGAAGTC	1020
15	GAGTTTGACA AAGGTCAAAG AACTGATAAA TATGGACGTG GCTTAGCGTA TATTTATGCT	1080
	GATGGAAAAA TGGTAAACGA AGCTTTAGTT CGTCAAGGCT TGGCTAAAGT TGCTTATGTT	1140
	TATAAACCTA ACAATACACA TGAACAACTT TTAAGAAAAA GTGAAGCACA AGCAAAAAAA	1200
20	GAGAAATTAA ATATTTGGAG CGAAGACAAC GCTGATTCAG GTCAATAATG CTCATTGTAA	1260
	AAGTGTCACT GCTGCTAGTG GCACTTTTAT AATTTTTAGA TCACGATATG ATTTATTATC	1320
	AATTCAGAA TAAAAAGTA AATAGTATCA AAAGTAAGTG TATTTAATAT TAGAAAAATA	1380
25	AAATTTTAAA TTTAGTATTA AAATGGAATG TTAATATATA GTTCAATGTG TATTATCACA	1440
	GAAAAATAAA TAATGCTTTA CTTCTATATT TAAAAGTGTA TAATGAAAGT TAAGTAATAA	1500
30	AGAGCGTGAA GAAAAATGTG AGTTATTTAT ATAGAATATT CTCCTTTTCA TTTATGAATT	1560
	TGTTACAAAA TATTTAGTGC AAAAGCACGA cGGAGGTATT CAATATGaAT AACGGTACAG	1620
	TTAAATGGTT TAATGCAGAA AAAGGTTTTG GTTTCATCGa AAGAGAAGAT GGTAGCGACG	1680
35	TATTCgTACA CTTCTcAGCA ATCGCTGAAG ATGGATACAA ATCATTAGAA GAAGGCCAAA	1740
	AAGTTGAATT CGACATCGTT GAAGGCGACC GTGGCGAGCA AGCTGCAAAC GTAGTTAAAA	1800
	TGTAATTTTA ACTTATTCAA ACAGTCCTTA CTATAGGGCT GTTTTTTTAT GCTTTAAATC	1860
40	GATAACAGTT GGTGTGGTAA AAGCACTAGC CGTTATTTTT TTGTCCAATA AATTTAGTTG	1920
	GAGATTTAAC AATATATAAT GGTTCATAAA TAAATCGAAC TGATGGAAAA GTTTTTTACT	1980
45	TTTCATCTGT CCGACTTTTG ATTTTGAATa TAAAAAGCG CCAATACAGA ACTTTAATAA	2040
	TGACGAGAAT TAAAGTCTGT ATATGGCGAT AACAGAAGT AATGTTAAAC ACTCAAAATG	2100
	TTTAAACAATA ATAGGATACC ACATCGCATA ATATCTTACT ACTTAATTAA TAATTTAACT	2160
50	AATCAACTTT TTGTTAATTT TTTATTAAGA CTGATTAATT ATTGAGAATA TTTATTGTTT	2220
	TTAAAATCTC ATAATAATTC AGTAATCTTG TTTTCATTTA AAAGGCGAAA CATTAAAATA	2280
	ATTAAATAAA AATATTGCGT TTAATTTACA GCGTCAAATA TACTTATTTT TAATGCTTTG	2340

55

ATTTCTGTGA GTATTTGGAA GCTACCATTA GGCAACGGTT TAACAATAGA CAATTGCTTT 2460
 TCCGCTTGTT GTATTAAAAA AGGTTTTGTA GATTGATTAT TAATATGCCA TTCACTCATG 2520
 5 TATGTTTTTC ACTCCTGCTT TAAAATAGGG TTAGAAAGTT TATAGTTGAG ACATTCATGT 2580
 TCAACCAAAA TTTTGTTTCA ATTCAATAAA TGTCTTGTTT AAAATAGAAA TATTGTAAAT 2640
 GTTATCGTCC AAAACTTCAC CAGTTAAGTA TTTGTTTTGA ATTAAAATTT GGCAGTTAGT 2700
 10 TAAGAAGTCT TGATAATCAC GATCGCAAAA ATAGTTTTCA CGTGCATCTT TAGCATCGCC 2760
 AAAAAAGTTA GCGACTGTTT CTGTTTCTCC TTTATTCGAA CGTTCAATAT ATAATTTGTA 2820
 AAATTTAGCT ATTGTATACT TTTGTTCTTT AGTTAGTTCA TTCAAAATAT TGGGCCTCCT 2880
 15 GAAATATCAT TTGTAATCTA TACCCAATTT ATTGCAAAAC AAAAACTAAT TTAACATTTT 2940
 GATGAAACTG TGTTAATAAg CTTAACAAG CCTTAGTTTG TATGGATCTA TAAAATTATC 3000
 20 TTTAATTGCA TAGGGTGAAA TAATATGTAG TCCATAACTT TTAAGTATT TTTCACTTAC 3060
 ACCAAATTTA TAAGCTTGGT AGATAATTTT AGTACAATAC GTAAATTTTT TGCTGTTCAA 3120
 ATTTAATGTA ACTAGATAAC GATGATTTGT ATTCTCATAG TTTTCTTAA CCCATTCAGC 3180
 25 CGCTTTTTTA CCTGCACCAG GATAGCTGCA ACGATAAACT TTCATCCAAT CATTTTTGCC 3240
 ACTGCATAA TTATATTTAA AAGATTCGAA GGATTGTGTA GTTGGTTTGT CGCCAGGCCC 3300
 CTCAATTTGT AAAATCGTTT TATCATCAAT CGCGATACTA CAATGACCAA AAAATCscCA 3360
 30 CATGACAGGG CCTTTTGTA CAATAATATC ACCAGGTTGT AATTGGAATT TGTCATCTTG 3420
 AATTCTGAA TACTTATTAT CTGCAATTGT TTTTGGTGAG TTTATTGGGG ATACGACAAC 3480
 GAATAATATA AGTAAAATTA TCGTTCGTTT AATATAGTTC ACTTAAAAGC TCCTTGTTGA 3540
 35 AGAAATATAT GTAAATAGTC TTAAATTAGA ATTGTAATCT TTAATAAGCT TGLAAGACTA 3600
 AAACATATCT TAAATATTAA AGTATGAGAG TGTGAAATGT CTATTAAGAA TnAAAAACAG 3660
 40 TCTGAAACAT CATTGAGACG TTCCAGACTG GATATAAAAT GAATTCATT TATAGCACA 3719

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 345:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1676 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 345:

TTGCGTTGCC GCACCAAGAT ATTGAATGCC TAGCGATTCC GAGTATGCAA ACTGAACGCA 60

CTCTTTAATA CGCGTTATCG CTTTTTGTA ATCTGCATCA TGATAACAAA TCATAACGCC 180
 ATAGCCACCT GCTGTGCGAA GATCATCTCC CGGCTTAATT ACTAACGGGA ATTCCCAATT 240
 5 CTTAATCTCG TTTTCGAATT GCTCAATTTT TACAACCTTT CTTTTTGGTA AAAACTTCCC 300
 ATTTGTCCAT TCAGGTATTC TTGCTTTATT ATTTAAAGCA ACAAATAACG TTTTATCTAA 360
 TGCATAATAT TGCTGATTCA AGATTGTTTC ATCATGAATA TATTGAAAAT AAATCTTTTT 420
 10 ATTTTCCTTA TGTGCCAATT GTTTGATCAA GTTTTCGTAA GATTGCTGAT TGTTAAATGT 480
 ATAAATTGAG TTCGGTACTT CCTTACCAAT AACTTGAAAT AGCTGATGCA ATTTGTCTGT 540
 CGCACTAGCT TCGTGAACAA TAACAGGTAA TTGATTGCT ATTAATAACT CCCTACCAGT 600
 15 TAAAAAATTA GATTGATGTT CGTCCGGTTT CAACCATGGA TTCGATATAT ACGAAGGTCT 660
 TGACGTATAG ACAACATCTT TGTCATATAA ATCACTTAAC GTTAAGTTCG GTCATTACC 720
 20 ATTATTTGTC ATTACTTCCC ATTCCCTTTC AAATGCGCAT GCTCTTCAAT AATGTCTTGA 780
 TAAACGTCTT GATTTGTAAT TAACTCTAAC CCCATCAACG CCATTATTTT AGCGCCTTTA 840
 ATTAATGCTT CATCACCATG TACACTCGCA GCCGCTTCTC TAAATCTATG CGTATGTCCT 900
 25 ACTAAATTAC GTGATCCTAT TTTAATATGA GGATGTATTG TTGGCACAaC ATgaCTTACG 960
 TTCCCTGTAT CCGTAGAGCC ATAACCAAAA TCATCATCAA TAACTGCTTC ACCAACTTCT 1020
 TCAGCATATT TAGCAAATAA ATCATCTAAT TTCGGCGTTT TAATGAATTC ATTCACACCG 1080
 30 TTTTGAATTC GACCAAATTC ATAATCACAA CCAGTCTGTA TCGCAGCTCC ACGTGCGATT 1140
 TGATTTACTT TTTCTGTAA TATATCCAAT TCTTTACGCG TCATTGCTCT AGTATAAAAA 1200
 35 CGAGCATGTG TATAGTCTGG AATAATATTA GCTGCTTTCC CGCCATCTAA AATCACACCA 1260
 TGCACACGTT GATCTTTTTT AATATGTTGT CGTAGTTGTG CTACACCATT AAAATAACTA 1320
 ATCATAGCGT CTAATGCATT TAACGCTTCA TCTGCATTTT CAGAGGCATG AGCACTTTTT 1380
 40 CCGTAAAATT TAACATCTAA AACATCCACT GCCAAAGTAT CAATCGTTTT ATAAGTTTCA 1440
 TTTCCCGGAT GAATCATTAA GGCAATGTCT ATTTGATCAA TCACACCAGC CTTGACATAA 1500
 GAAGCTTTAG CGCTACCATT TTCCCCACCT TCTTCAGCTG GACATCCAAG AACGACTACT 1560
 45 TTACCACCAA TTTGGTCAAT CACTTGCTTC AAACCAATTG CACCAAGAAC ACTTGACGTT 1620
 CCAATGATAT TATGACCACA AGCATGACCC AATCCTGGCA AAGCATCGTA TTCTGC 1676

50 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 346:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1294 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double

55

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 346:

5 TACAGTAGGA ATCATAAAAC CTAATACAAC AAATACAAAA CCATTTAAGG CATAACTAAA 60
 TGTGTTCCAA ATTTGATGGT AATTCAATTG TAGTTCGGT TGTGCTCTAA TTAAACGGTC 120
 10 GCGTTCTAAA CCATGGATTA GACCTGCGAT TACAACTGCA ATGATACCTG AAGCATGAAC 180
 TTCTTCTGCT AAAAAGTATA CGACAAAAGG AGTTAATAAT TGAATAAAAG TTAAGGTATT 240
 GTTATCTTTT AAACCTTTAT TAGCGGTAA GTCTATACGT ATTCTAACGA CAACGAATCC 300
 15 AATAATTGCA CCAATAAGTA CACCTAGTAT TGTGAAATG ATAAATTGTT CAACAGCTTG 360
 GAATAATGAA AAGGTACCAG TTAATAATGC AGTAACAGCA ATTTTAAATG AAATGATACC 420
 TGCTGCATCA TTGAGTAAAG ATTCACCTTC TAAATCGTC ATAGAACCTT TAGGTAATAA 480
 20 TTTCCGCGT GTAATAGCAG AACTGCTAC TGCATCAGTA GGACATAAAA TTGCTGCTAT 540
 TGCAAAAGCG GCTGGCATTG GTAAGGCAGG CCAAATCCAA TGTATAAAAT AGCCAACACC 600
 GACTACAGTT GCAAACTA GTGCCATTGA CATTAAATAGT ATAGGTTTAC GATATTCTAA 660
 25 TAATTTTGTT CGAGAGACGT GGGTACCTTC CACAAAAGT AGTGGCGCGA TAACGGCAAA 720
 CATAAATACT TCAGAATTGA ATTGGAAATC AACTTGATT GGAATAATGA AAATAACGAC 780
 30 ACCTAATGCA ATTTGAATAA AGGCAGTAGG AATTTGTGGG AATCGATTAT TGATAACCGA 840
 ACTAATAATC ACAGCAAAAA TAAAAATTAA AAATGCTTCT AATAGTGCCA TACAATACTC 900
 CTCAAAATTT TAATAGTTAA TATTTTATCA CTTTAAAGG ATAATGACAT AGATATATTG 960
 35 ATAAATGAA GTTATTTTCA AAAAACTCT AGTATCGGT GAACTGATAC TAGAGCGAGA 1020
 TGTTTAAATT ATTGATTGTc ATATCTGAAA TGACCGCTGT CATTTTGTCTG TTGTTTATAC 1080
 GCGAGCTTTT CAGCATTCTG TTTGTATTTT TtATAAAAGa AAAATAaAAA TATnAACCaG 1140
 40 AATGGCGAAA TATAAATAGC TGCTCTTGtT TCGTCACTAA AGAATAATAA AATGAATACA 1200
 AAGAAGAAGA ACGCTAGAAT AATGTAAGCA ATAGGCTTAC CACCAATCAA CTTAAATTTA 1260
 45 CTGTTTTTAT GTGCCTCAGG ATGCTTTTTC AAAT 1294

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 347:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

50 (A) LENGTH: 1935 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

55

	ACATGATAAT GATGACGCTA TTAAAACACG TTTTATTATT TTCATTGTGA TAACCTTCTT	60	
	TCGTATGATT GATATTTGTT GATATGTATC GACATGTGAA TAATATCACA AAAACAGAGA	120	
5	ATATATATTT AACTATTTAT TAAATGATTT TGTTAATATT ATTAAATACT TTATCCTCTT	180	
	TAAAAATAAT GTGTGTACAA AGTCATTAAT TTAGCAAATA TTTTATTTTA GTAGTTAATA	240	
	ACCATCGATT TGAAATTTAT ATATAATTAT TAGCTAAATA ATATCCTGCA TCTTTCTCAT	300	
10	ACAATTTACT ATAAATagC ATATCCGATA TCAGCGTTAA TAAGATCGTT GATACTAGmC	360	
	AGTTAATTTT ATAGAACGAA ATCAAATAAC AACTACTTTT CTGCATTTTA AATTATGTTT	420	
15	AAGAATCAnA ATTATGTTTA nATAAAATATA TATACTACTT TGAAAGGTGT GAGCTTAATG	480	
	ACAACCTTTTA GTGAAAAAGA AAAAATTCAA TTACTAGCAG ATATTGTTGA ACTACAAACT	540	
	GAAATAATA ATGAAATAGA CGTTTGTAAT TATTTAACAG ATTTATTCGA CAAGTACGAT	600	
20	ATTAAATCTG AAATTTTGAA AGTTAATGAA CACCGCGCCA ATATCGTTGC AGAAATCGGT	660	
	AACGGCTCAC CTATACTCGC ATTGAGTGGT CATATGGATG TTGTTGATGC AGGAAATCAA	720	1
	ATAAATTGGT CATATCCCCC TTTTCAACTG ACAGAAAAAG ATGGCAAATT ATATGGCCGA	780	(
	GCACCTACAG ATATGAAAGG CGGTTTAATG GCTTTGGTCG TATCTCTAAT CGAATTAAAA	840	25 (
	AAACAAAATG AATTGCCTCA TGGAACGATT AGATTACTGG CTACTGCTGG CGAAGAGAAA	900	(
	AAACAAGAAG GTGCCAAATT ATTAGCTGAT AAAGGCTATT TAGACGATGT CGATGGCTTA	960	30 (
	ATTATTGCTG AACCAACTGG ATCTGGAATT TATTATGCAC ATAAGGGGTC TATGTCATGT	1020	1
	AAAGTAACTG CAACTGGTAA AGCTGTCCAT AGCTCAGTTC CATTTATTGG TGACAATGCA	1080	1
	ATTGATACAC TGCTTGAATT TTATAATCTA TTAAAGAAA AATATTCAGA GCTTAAACAA	1140	35 1
	TAAGATACTA AACATGAATT AGATGTTGCG CCTATGTTCA AATCATTGAT TGGAAAAGAA	1200	(
	ATTTCTGAAG AGGATGCAAA TTATGCATCT GGTCTTACAG CTGTATGTTT GATTATAAAT	1260	1
	GCAGGCAAAC AATTTAACTC TGTACCAGAT GAAGCTTCAC TTGAATTTAA CGTAAGACCA	1320	40 (
	TTTCTGAGT ATGATAACGA CTTTATAGAA TCGTTTTTCC AAAATATCAT TAATGATGTG	1380	(
	TATAGCAATA AGCTTTCACT CGATATTCCA AGCAATCACC GACCTGTAAC AAGCGATAAA	1440	45 (
	AATAGCAAAT TAATTACTAC GATTAAAGAT GTAGCTTCTA GTTATGTAGA ACAAGACGAA	1500	1
	ATATTTGTTT CAGCGCTTGT AGGCGCAACA GATGCCTCTA GTTTCTTAGG AGATAATAAG	1560	1
	TACAATGTTG ATTTAGCCAT TTTTGGACCA GGTAATCCAT TAATGGCACA TCAAATCGAT	1620	50 (
	TAATATATTG AAAAAGATAT GTATCTGAAA TATATTGATA TTTTAAAGA GGCTTCCATT	1680	(
	TAATATTTAA AAGAAAAATA AGAACGATGC TGTCAGCTGC CCTATTCGCG TGCTGGCAGT	1740	(

TCAAATATCA ACAAGCACAT TTTCATTGAT TAAGTGATGT AAAACTGAAA TTATTGTGCT 1860
 GATTTGTCAT ACATATATTG ACTAATGGGC ATATAAAAAG ATAGCCTCTA ATAGTnACAT 1920
 5 AAACTCGTAA AAnCC 1935

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 348:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1351 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 348:

CCTTTnCTTA AACAAATTTT AGATTTAGAC AACAAACCGA TTTTAATCCA TACATTAGAA 60
 20 AnATTTATTT TAATTAATGA TTTTGAAAAA ATTATTATCG CGACGCCACn ACAATGGATG 120
 ACGCATACGA AAGATACACT TAGAAAATTC AAAATTTCTG ATGAAAGAAT TGAAGTCATT 180
 CAAGGTGGTA GCGATCGTAA CGATACAATT ATGAATATCG TTAAACATAT TGAATCAACA 240
 25 AATGGTATTA ACGATGACGA TGTCATTGTG ACACATGATG CAGTTAGACC ATTTTTAACG 300
 CATCGTATTA TTAAAGAAAA TATTCAAGCT GCTTTAGAGT ACGGTGCAGT AGATACAGTG 360
 ATTGATGCTA TAGATACGAT TGTTACATCT AAAGATAATC AAACGATTGA TGCAATTCCA 420
 30 GtGCGTAATG AAATGTACCA AGGTCAAACA CCTCAATCGT TTAATATTaA TTTATTAAAA 480
 GAaAGCTATG CACAGTTGAG TGATGAGCAA AAGAGTATTT TATCTGATGC TTGTAAGATT 540
 35 ATTGTAGAAA CAAACAAACC GGTTCGACTT GTAAAAGGTG AGTTATATAA CATTAAAGTA 600
 ACAACACCTT ACGATTTAAA AGTAGCGAAT GCTATTATTC GAGGTGGTAT TGCCGATGAT 660
 TAATCAAGTA TATCAATTAG TTGCACCTAG ACAATTTGAA GTTACGTATA ACAACGTAGA 720
 40 TATTTACAGT GACTATGTCA TTGTACGTCC TTTATATATG TCAATTTGTG CTGCCGATCA 780
 AAGATATTAT ACTGGTAGCC GTGATGAGAA TGTCTTATCT CAGAAATTGC CAATGTCTTT 840
 AATTCATGAA GGTGTTGGTG AGGTCGTATT TGACAGTAAA GGTGTGTTTA ATAAAGGTAC 900
 45 AAAAGTAGTT ATGGTACCGA ATACGCCGAC AGAAAAAGAC GATGTCATTG CTGAAAACTA 960
 TTTAAATCG AGCTACTTCA GATCAAGTGG ACATGATGGG TTTATGCAAG ATTTTGTGTT 1020
 50 GCTAAATCAT GATAGAGCTG TACCACTACC TGATGATAAT GATTTAAGTA TTATTTCATA 1080
 TACAGAGCTT GTAACAGTAA GTTTGCATGC TATTCGTCGT TTTGAAAAGA AATCTATTTT 1140
 AAATAaAAAT ACATTTGGTA TTTGGGGTGA TGGTAACTTA ggTTACATTA CAGCCATTTT 1200

GAGTCACTTC TCATTTGTTG ATGATGTCTT CTTTATTAAT AAAATACCTG AAGGCTTAAC 1320
 ATTTGATCAT GCATTTGAGT GTGTGGGTGG T 1351

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 349:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 411 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 349:

TCATCAAGTC TACGATAAAT TAAGTCCATA TCTAAAGGCT CGGGGTCGAC AGTTTGTAAG 60
 GTATAACCAA CTGCACAGTG GCTACAACGC ATATTACAAA GATTTGTAGT TGTAAATTCG 120
 ATGTTACTTA AAGTTAATTG GCCATGTTCT TTAACATCGT TATATGCTTC CCATGGGTGCG 180
 TTTTGAATAC TTATTTTAGG CTTGTTATTA CGCATTTTAT AAACCTCCTTA ATTGTTATTT 240
 GATACCAATT TGATACCGTT TAATCAAATA TGCTCATAGC TTGATGTTTT TTATCAGTAT 300
 ATAAATGAGA GTACGTTTGA ATTGTTTCTG TAATGTTAGA ATGCCTCATT AATTCCATTA 360
 ATAAATACAT ATCTACACCA TTATTAATTA AaTAGCTAGC GTACGAGTGT G 411

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 350:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1639 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 350:

TCATTTTCAT AGGTTATTAC GCAGATCAGC ATAATAATCC ATTCCATATG AGTcCTTATT 60
 TTGGTTATGC AGCACGTCTA TTGGCAACAA GTGGCATTGA CTATACGTAT GTAAGAATGG 120
 CAATGTACAT GGATCCACTT AAACCATATT TACCAGAATT GATGnATATG CATAAACTGA 180
 TTTATCCnGC TGGCGATGGT CGTATTAATT ATATTACTAG AAATGATATT GCTAGAGGTG 240
 TCATTGCTAT TATTAAAAAT CCAGATACTT GGGGCAAACG CTACTTATTA TCAGGCTACA 300
 GTTATGATAT GAAAGAACTT GCTGCAATTT TATCTGAGGC ATCaGGCACA GAAATTAAAT 360
 ATGAGCCCGT TTCATTAGAG ACATTTCGAG AAATGTATGA TGAACCTAAA GGCTTTGGTG 420
 CATTATTGGC ATCAATGTAC GACGCAGGAG CAAGAGGACT ATTAGACCAA GAaTCCAATk 480

TTAATAATAA AGGAGCGTTA TAGTGAATAT CATCTCAACA ATTtTAATCA TATTTGTGGC 600
 ATTAGAGTTT TTCTATATTA TGTACCTTGA AACGATTGCT ACAACTTCCA AAAAGACTAG 660
 5 CGAGACATTT AATATAAGCG TCGATAAATT GAAAGACAAA AATATTAACC TACTTTTGAA 720
 GAACCAAGGC GTATATAACG GTTTAATCGG AGTTTGTGCTA ATATACGGTT TGTTTATCAG 780
 CAGTAATCCA AAAGAAATAT GCGCAGCTAT TTTAGTGTAT ATCATTGGCG TTGCTATTTA 840
 10 TGGTGGCCTT TCAAGCAATA TTAGTATCTT TTTCAAACAA GGCACATTGC CAGTATTGGC 900
 ACTCATATCA ATGCTTTGGT AAGTATTGGT GTTTGGGGGG GTGGAGATGT AGTCGGAGGT 960
 15 TTGGAGGATT TGAGCGAATT GTGTGTGGAC TTTAGACTCA GAGTATTTCA TCCTAATTAT 1020
 TTCAAGCAGA GGTGACAGTA GCGTTGCCTC TGTTTCCTTA TAAAAAAATT ATTTAATGAA 1080
 GAAAACCCAT ATCTGATTTA ATTTTCAGCT GATAAACTACT CCATATATTA GAATGGCTAC 1140
 20 TTTATCTATT GCATCAATCC TTTAAAACAA AAAACCCATG ATTTGAAAT TCCCGTATGA 1200
 TGGGGTTCCT ACTCTCATGG ATCAGTTAAA TAAATATTAT CACTATCAGT TTATTATTTT 1260
 AATATTATTA ACAATATATG TAGTCGTAAA AGGAAAGAGG ACATGAGAAC TTCGGTGTG 1320
 25 ATTGGCATT CATAACGCTT CCAAACATAT TATTTGGTAA CAATAAGAAA CTATTTACAC 1380
 AATATATTTT GTATAGTAAA ATTATTTTAT AATATTTAAA TCCAATTGCA CAAGGAGTGA 1440
 30 TTATCaTGGT ACCAGAAGAA AAAGGTTCTA TTACTTTGTC AAAAGAAGCA GCTATCATAT 1500
 TTGCAATCGC AAAATTCAAA CCATTTAAGA ACAGAATTAA AAATAACCCA CAAAAACAA 1560
 ATCCATTTCT TAAATTACAT GAAAACaAAA AATCTTAATC ACTTTtATTT ATAGcATTTT 1620
 35 TAATCTCAGA AATGCTATA 1639

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 351:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

40 (A) LENGTH: 1816 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

45 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 351:

AAAATCGCAT ATAGTAATAT GAATAACCAG ATTGTATCTA CAAAAAAGTA TATTGAAAAA 60
 50 CCAAGCGCAC CCATTAATAA TGCGAGAATA ATAATAATTT TTCTATTAAA GTGATGCGTA 120
 TCCGAAAATC TAGCAATAAT TGAATTTACT GTAACTGGC TAATCGCTGC AGATGCTAGA 180
 AGTAATCCAT ACTGATTTGT TGTACATCCT AAATCTTTAG TTGCAAAAAG AACAAGATAT 240
 55

	TTCTyTATTT GTAaTAACGC TGCAAACATA TCCATAACCC CGCTTCTTAG AGCCCCTTTT	360
	AATThAThAA TTAGGGGCTC TTATGCAGTT GGTGCATTAG CAACCAACTG TATTCCTTTG	420
5	TCCCCTTTTA ATTTATTaAT TAGGGGCTCT TTTGCTGTTG GTGCATTAGC AACCAACTAC	480
	GTTCAATTTA ACCGAATAGT TTAaAATTAA ATACAAACCT TAAATTAGTC TAAAACTACG	540
10	CCTTTGGTTG TTCAACAAAG CTCGCCATGA GATTTACAAA AGAATCAACT TGTGGCAATT	600
	GCAACATGCT CGGATCATAA CTCATAAATG TCGAACGAAT CAGCGGTTCA TTATCAATTT	660
	CTACTTTTTT AAACTCAAAT TGTTCTTTGC TGATATTTTT CATCATAATT TCTGGCAAGA	720
15	TTGTAACACC TACACCACTA ATCAACATTT CTTTGCAAGT TGCTACTTGA TCCACTGTAA	780
	TAGTTGCATG GTAATCTTGT TCTAAATTAT CGTTATACCA TTCTTTTATT TGATTTATAT	840
	AAATCGGATC AGCTTGAAAC TCTATAAATG GTAACTTTGT AACATCATCT CGTCTATTTT	900
20	TTGGAAAAAT AAAATAATGA TCATCATTAA ATAAATGTGT GTTAGCTAAA TTCATTACCT	960
	TATTTCCACG AGTTATCATA ACATGATAAT CTCTATGATT TGCTTTAATT TGTTTCAGTTG	1020
25	AACCAACTTG CACTTGTATT TCAACATTAG GAAATTGGGC ATTATATAGG CTCAAACTT	1080
	CAGGAAGTAA GGTTTGTCCA ATCAAAGAAG AACACCCGAT TGATATTGTT CCATTCACTT	1140
	CACCAATATG TGCCTGCATT TTGTCAAAAA ATAATCGCTC TCTTTTCAAC ATGTCACGAG	1200
30	CATGCTCAAT AATCATTGTT CCTTCAGTTG TTGTAATCAA TTGTTTTTTT GTTCTGATAA	1260
	AAATATCTAC TCCAAAAGCA TTTTCAATAG CTTTATAGTCT TTGTGTAACA GCAGGTTGAG	1320
	ATATATATAA AATTTACGCC GCTTTACGTA ACGTTTTCGT TTCGTCTAAT GTTATTAGTA	1380
35	AACGATAGTC TTCAATCTTC ATAATTTCCC CCCATAAATT ATTCAATTAT TGAACTTTCA	1440
	TGGCTACAAG CATTATGAG TTCATTACTA ACGAATAATT TCACCAATTT TATTGGTATG	1500
	GCTGCAGCTT GAATTACTTA GTTTTTCTTT TGTGTTGGT GATTTTTAGT TTGATTATAT	1560
40	TGCTTAGGCT TTATTTGTTT GCTTTTTTCA ATATTAGTTT TATTTTGTGG CTTTGTATGA	1620
	TTTTTTTGAG CCTTTGCATT AATTTTATTA AAGCAGTACA TGATTTTCTT TTGGAATCCT	1680
45	TTAAATCAT TTTCTAACTC TGCCATAATT TGATGTGCAA TCATATATGC TTCATGAAAT	1740
	TGCTTTTTTG TAATTTGCTC ACTTTCTAAT GCAAACATTA AATCATCTTC ATCTACCAAC	1800
	TCATaTcACC ACTTGG	1816

50 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 352:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 9956 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double

55

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 352:

5	GCGTTGTCGT CGATGATTAA TAAAGTATGG GTATACCATT AAGAATAACG CTACCCAAAT	60
	gAkTGCTAGT GACGTGCCGC CAATGACATC TGAAAAGTAA TGTGCATGAA AATAAAGGCG	120
	ACAAAATAAT ATGCTAAGCC ATAATATTCC CATAACCAAC GCACTCAACA CTTTTGTTAT	180
10	TGTCTTAGCA GCAAGTGAAA TAATAATGAT CATTAAAGGCG AAATATAATA ATGTGCTGGC	240
	GTTGGAATGT CCACTCGGAA ATGAAAAGCC TGTATCAACG GCTAAATGAT TATATGGTCT	300
	TGGACGTAAT ACAGTATCTT TAATTAATTT GTTCATGATG ACACCTGAAA CCAAATATGT	360
15	CACAAACCAA ACCGCTAAAT GCCTCTGTTT AATAAACAGT ATGATTGTGA CGATAATGGA	420
	AATCAACACG ACACCTTTGA CATCTCCAAT TTCCGCACTA AACGTCATAT AGTAATTAAA	480
	CAAATTGTTA ACATACTGAC GTTGTGGCTC ACCGAAATAA TCTGTAAACC ATGTTAATGA	540
20	TCCCATACT ATATTTTTAA GCCATTCTTG ATTTGTCACT ACACTGTAAA ACATACCTAT	600
	AAATACAATC AGCGCGATTA AAAATAAAGG CACTGTcATT TTCGGTGATG TTAATTTTTT	660
25	ATCTATCATC TTACAATCTC CTCGTATCAT CATTTTCATT TTACAAATGT TATCCATAAT	720
	ATCAATGTGC CACAAATTC ACTTTACCGA CAATATCAAA ATTATAAAGT TCATATTGTT	780
	ATGTATATTG CAAATAAAAC ATTGTATAAT TGAAATAACA ATATTTTGCT ATTTTCAATT	840
30	TAGTACGATT TATATTTATT ATACAGAGGG GGTAAGGCGT ATCAATAGAG TTATTTTGT	900
	CTATATAGCG TTAATCATTa CATTAGTTAG ATTCTTTACC CCTATTCATC CATCATTTTC	960
	AAATTTGATT TACTGGATAT TTGTATTATA TTTTATTCCT ATTATACTAT GCGTTATCGG	1020
35	TTTCAAGGCC GAAAACTTA TTGCAACAAT GGTCATTATA CCTAATTTTT TAGGAATACT	1080
	TTATCGATTA TATGCCTACG TCACACATAT ACTCTTTATG TAAAAGGATA GTGGGCATGT	1140
40	CTCGCAACAA ATATGCTTGC GTCGACTTGT CACCATTTCGC AAATTTTATG ACATACGCCT	1200
	TTCACGGGCT ATATTCAGAC CCACGCATTC ATCCACGTAA TAAACACATC ATGTAATAGA	1260
	AAAACAGCAC ACCCAAATAT ATGGCGTTGC GCTGTTTAAC CAAGCATACT TCTATAGCTT	1320
45	TAATAAGCCA GCAGAAGCAT ACCTAACCTT CTTAAATATG CTTTTCCAAA TTATCCTCAA	1380
	GTTTGAATAC GATAATACGT TCACCTGTAA CTGTACTTAA ATCACTATGG AAGCTCATCA	1440
	CTTTGATACC TGTAATTTTA AAAATGATAT CATTCAAATC TTGCTCACCC GATTCAACTA	1500
50	ATTCAGAACG TGTTCGTTTA ATATTTAATA ATCCTTCATT CGTACTACAT ACACGATATT	1560
	CAGCTGGCGT TAAGATACCT TGTAACCTAA TAATCACCAT ATCTCTTAAA ATGTCTGATT	1620
55		

	TTTCAGCTTC	GATTTACCT	TTCGTTCTTT	TCATATCACT	AACTCCAATA	ATATTAAAAT	1740
	TGATTACTTC	ATCTTTGTAT	CGTTATCAG	ACATCAACTA	TTACATTAAG	TTTATCATTT	1800
5	TTAGTATATT	TTAAGAAGCT	AGAACATTGT	AGATATGATG	ATATATTAGT	TACTTAGCAT	1860
	CGCAACATAT	CATCGTTAAA	TCCAACTTTT	AAAACGCCCT	TCCTCATTAA	CGCTCATTAA	1920
10	ACGCAGCCAA	TGATTAGACA	CCTTCCTAGC	GAAATGCTCA	TTATTCGCGA	GTAGTCTTGC	1980
	TACAACATAG	TCGGGTGCCT	GAATAACGAC	AAGTAAACGA	ATTGGCGAAT	GATACATCGT	2040
	CCGATCAGCA	GCCATAACAG	ATTGCCATGA	TAAGCCATAC	ATCAGATCAC	TCGCATTACC	2100
15	TTGCATGACA	CCAACACCTG	ACGTGACGGT	TTGTGTCGCT	TTATTCCCAC	TTCCGTAAAA	2160
	ATGCGGCGCA	ACTGTCGACG	CATAATATTG	TAAATTAATC	CATTGTGCCA	CAAGTGCCGG	2220
	ACCAGAAATG	ATGGTATTTA	ATAATGTGCC	ATCTTTATCT	TTACGCCAAT	CATAATTGTG	2280
20	TAAAAATGTC	CGCCCTTCTA	AATCAATGCC	TTTTGTTAAT	TGGCGTCGTC	CAATTATAAA	2340
	TGATGCATTT	TTAGCCAATC	CCCATTCTGG	ACGTACCTCA	CTCCAATCAC	TCGCAAACCG	2400
	CTGCGCTTCT	TCCACTGGAT	GATTCACACG	ACCAATCGTT	GGCAGTTTGT	CCAAACGTTT	2460
25	GCGATTTCGcg	TGtTCAGAAA	TCATCGGCAT	CGCGTCATTC	AATGATTCAT	ATGCATCTAA	2520
	AGCAATAGAA	GATAATGTGT	CTGGCACATA	TACCCATGCC	AACGTATCAG	TAGACGTATG	2580
30	ATGTTCTGCT	ACCGCAAAAA	CAGTTGTCTC	TGGAATATAC	ACACCTGATT	GTTTAAATCC	2640
	TTGTCTGACA	TTTGGACGAT	TACATATCAT	CGCTAATAAC	TTAGCATTAA	AACCGCTTGA	2700
	TGCGCCACCA	CAAGCCCCAC	ATTCAAGTGA	TGCATGATGT	GGATTATTGT	GAGAATGACT	2760
35	AGCATGACCT	GCTAACACAA	CGAACGGCGC	AAATGCTTCG	GTTAAATCCA	TCAATTTCAA	2820
	CGCTTGTAAC	GCGAAATCAA	TTTGCTCTTG	CTCAGTAAAT	CCAACAGGTA	AGTCTGATGT	2880
	TCGGTCAAAC	TCACGATCAA	TCGTCAACTT	TGTTTCAGGC	TTTTTCAACC	ACTTTTGTTT	2940
40	TATTTTTTGT	AAAGACGCGC	GACTTTTTCT	AGGCATAATC	GAATTGACAA	TGGTACTTAA	3000
	GCTTAAAAAT	GGCCCACTTA	ATTCAAGGCA	TAACAGACTA	GGCATGACAT	TATTTTTTCAT	3060
45	CAATTTAAAT	GTGTAAAACA	TCGATGACAT	TGTCTGTTGC	TGTTGTCGAT	AAACATTCAT	3120
	ATCGTAGCGG	TCTGCAAATT	CTTTAATGCG	ATATGCCGGC	GGTACCATGA	CAGGTAATGA	3180
	ATCATGTTTG	AATTGTTTCGT	CTACGGCATC	TTTTTGAATA	GGTAATCCAA	AGAAGCCTGC	3240
50	AATACCAATC	GTTTCAAAGG	GCCCTGCTGC	TTCGATATGT	CTACGAAATG	GTTCTGAACG	3300
	AACATCTATA	CAAAATGCAA	TTTGGCGTTT	CGTTGATGTG	CCCATCTGAT	TTAGCTCGCT	3360
55	ATTATTTTCA	TCAACTGCTT	GTGTGTCATT	TAACAATACT	GAATGTGGCT	GATTAGCGTT	3420

	TGCTTTAATT TTTTGTTTTA ACTGAGATTC GTATGTCATT TCCCAGGCAA TTAGCCATAA	3540
	ATTTTTAAAT ACATTTTAT TCATAGTTGC TGCAAAATGA ATAAACGTTT GAATTTTCATT	3600
5	GACGTCATGT TGTAAGTAATA CATCGCTAGG CATATCACTG TAGTAACACC ATGATGCAAC	3660
	AGTTTGCTTA AACCAATTTT CCGATCTACT TTCACAATCT TTAGCGACTG ACTTAAACTC	3720
	ATCACCAACT AGCAATTGTT CGACAATAA CCGAATTGCC AAATAATCCG TTAACAAATG	3780
10	TTGTTCAAAG TGATGCTGTT GTGAACGGTA ATACAACATA CCTGCCCAAC CCGGTAACGC	3840
	CAAAAGATGT CCTTCAACAT AAGCTTGGTA GTCTTCCTGA TCTATTGAAA AATGAGTTAA	3900
15	TACTGACTCT ATCGTCATTT CAGGATCATT GGGTAAGCCT TTAATCACTT GGCCTGTGC	3960
	TTTAGTAAAA CTATGGTCAT GTTGCCTAA ATGCAACCAT GCATGGTAAA AACTTTGCTC	4020
	ACGCTTCGGC ATTGTCCAAC TCGATAGAAA TTGATCGATA TAAAGTTTCG TCCATTTAAT	4080
20	CATTTGACGA TTCACTTGTT CGCTAAGTGG CTCACCTTGT TCATCTATTA TTGCATCACT	4140
	CATCGGACGT ACATCATAGT GATGATATGA TTCAGCCATA TCACGTTTTG ATTTTCTAA	4200
	TAGTAGATCA GCAACAACAT CAACATTTGA ATGATTCATA TATGATGCAG GTACGTCTTT	4260
25	TAATGTTTTA ATGTTATCAA TATAAAGATT GATGTAGTGT TGCGGGATAT TGTAAGTATG	4320
	TTCAAGTAAC ATATCAGTAA CAAGTTGATT AAAGACACTT TCATCTAATT CACCACGTGC	4380
30	CACAGCGCTT TCTATTAATG CTTTATTTGG GAAAATATCC ACATCTCGAA CATCACGTAA	4440
	CCATTTTGGC ACATCTTCAA ACGTATCCGC TTCTAATCCT TCCCATGGAT TTCGTGCTGC	4500
	AAAAATCGAA ATTGGTGATA ATGGTGTAAT AACACGTTTC GCATTTTCAA TGAAGTGAAT	4560
35	GATATTTAAC TGTGTTGTCA TACCTTTTAC CTCCTATAAA TACTTCTTCA AATAATTCGG	4620
	ATGACTTTCT ATCGCTTTTC AGCGTGCTTC ACCTAGATTA ACTAACCACA CGTACAATAC	4680
	CGCAAAAGCC TTAGAGTATC GATGCCGCGC CACCCAAATA CTTAATAAAC TGCCAAAGAT	4740
40	TAAAATAACA AACTAATGA TGACACTCAC TGTAGGCGGC GTTGTCGCAT GTGTTGTTAT	4800
	ATTTTGTAAT ACAGCGTAAA AATAATTATG TGTGATGACG TAGATAAATG TCACGATTGC	4860
	AATCAAAATC ATACCAACAA GACGTGCCAT GCGTCCTTTA CTAAAGGCTA CCATTTGATT	4920
45	CCAAGATACA AGTAATGACC ATCCTAGAAT GAGTGCACTT AACACTTCAT ATGCACTTCT	4980
	GTCACTACTC ATCCAAAATA GAAATGCCAC GATAATAGCT AATACACGTC CCATGACAAT	5040
50	CCAGCCATAA GCGTCTTTAG CAGATGCTTG TTTTGAATA TTGAATCGCT TCACGATAGA	5100
	ACCTGATTGT AAAAATAATG TTGCTTTAAA AATACCGTGC AATATTAAAT GAATAATCGC	5160
	TGCTGAATAT ACACCCAATG CACATTGAAC TAACATAAAG CCCATTTGAC TCATCGTAGA	5220

55

	AGAAATACTA	GAAAGGATAA	GTAATAATGA	TAACGCAAAT	CCATTATCAA	ATATCGGCGC	5340
	AAAACGAGTT	AGAATAACAC	CACCTGCATT	CACAATTCCT	GCATGCATAA	TTGCCGATAC	5400
5	TGGCGTTGGT	CCCCTTACAG	ATTCAATCAA	CCATCGATGA	AAAGGAAATT	GTGCTGCCGG	5460
	TATCATGACA	GCTAATACAA	GTAGTACATT	CGTCAACAAT	GACCATGTCT	GATGAACTAT	5520
	ATGTTGTGGT	ACCCGCCACT	CGCCAGTCGC	AATATAAATA	GTTACAATTG	CTCCAACGAA	5580
10	TGCAAGCCAA	CCACATAAAA	ATGTCATGCT	TGATAATTTT	GCAGACTCAC	GTGGCACTTT	5640
	CCAAAAACGA	TTAACGTTCA	TCAGCAATGT	TAAACATAAT	AATGTAATAC	CCCAGCAGAG	5700
	TGCCATCAGT	CTTAAGTCTT	CAGACATCCA	TGCTAAAGAT	GCAAACGACG	TAATCGCAGT	5760
15	GAACAATGGA	AAGTAATGTC	TATAATGATG	ATCACCTAGT	AAATATCGCA	TTGAAAACCT	5820
	TTGAATAATA	AAGCCAAGCG	CCATTACAAA	GCCAGCTAAT	AACCAAGATA	AACGATCTAT	5880
20	TTTAAATGGA	CCTAAGACAT	GTTGACCATG	AATACCGAAA	AAGCCAATGA	CTGCAAATAA	5940
	TACTGGCATG	ACTAGTATGT	ATAAATGTAA	TTTAATATAT	CTCATTGGCA	TAAGTGGTGC	6000
	TAAAAACAAC	AAGCCACTTA	TCAATGCAAT	GATAAGCGCA	ATAACAAACA	GTGAAAATAG	6060
25	CAATTGAAAA	CTTAACACTG	CATAACCTCC	TTATTCTTAA	TCTCTCGCAT	AATTGCTTAT	6120
	GTATAAAAAT	AAAAACCTAC	AATAGTAGAT	TCTGTACATA	ATGGCAGAAA	ATTTACTATT	6180
	GCAGGTTTCA	GTTTAACTAG	ACACTGCATC	ACGGTACGTT	GATATACCTT	GTTGCAGTGT	6240
30	TCTCTTTAAG	CGTGCTCCCA	TGCACATATG	TATATAAAAT	GTTACTTCTG	TCTGTTCAAT	6300
	TCATCTTCAT	AAATATGCTT	TGCCTAGACG	AGACCTAACG	TGTTATTCGT	TTTAAACTTA	6360
35	TAACATAAAA	TATAATTAAA	TTTCTGCTTC	ATGTCAAATT	CATGAGCTTA	ACCTCTATTA	6420
	AACCAATGAT	TGTAAAGATT	TTGTAAATGC	ACCTGTACAG	TTAGGCAGTA	TTTCCCGTCC	6480
	TTTTAAAATA	AAAAATTCGC	AGTTATGATC	ATAACAATTC	AAGTTAGGAA	AAAAATCAAT	6540
40	TACGCACAAG	ATAACTATGT	ACAATGAAGT	TAATCATAA	GCAAAGGAGG	TAATCTTAAT	6600
	GGGTATCATC	GCTGGCATCA	TTAAAGTTAT	CAAAAGCTTA	ATCGAACAAT	TCACTGGTAA	6660
	ATAAGATTTT	ATAACAAACA	AAGGAGGTCT	TTACATGGG	TATCATTGCA	GGAATCATT	6720
45	AATTCATTAA	AGGATTAATT	GAGAAATTCA	CTGGTAAGTA	AGTTATAAAA	ATCTCATAGA	6780
	TATGAACATC	TTATTTGAAG	GGGGCCATTC	ACATGGAATT	CGTAGCAAAA	TTATTCAAAT	6840
50	TCTTTAAAGA	TTTACTTGGT	AAATTTTATG	GTAACAACCT	ATCTCAAACA	TTAACGATCA	6900
	ACAACTCATC	ACTATGTTAA	ATCAACATAC	AGGAGGACAA	AACGATGGCT	ATTGTAGGTA	6960
	CTATCATTAA	AATCATCAAA	GCAATTATCG	ACATTTTCGC	AAAATAATTT	AAGCGAATTG	7020
55							

	TTATTGATGT GAGGTGAGTC TTGTTAGTTT GTTGCAAATA AATGGTCTTG GTGTTTTTTG	7140
	TATAGGACGT TCTTAGTGGG ACATACGGAA TATTCGTGAT CTTGTAGTC TGACCGGTTA	7200
5	TATTTTTGTG GCGTGTTTTA TGTTTGATAC TCGAGTTCTG AGACATTCAT GATTTGCCAT	7260
	GCGAAATCTT AATGATTTTC ATGATCTAGC GCAAGATATA TTGGCCACGT GCGGAATTGC	7320
10	GTTGCACGTT TAGACTGAAA CACTCGTGTG ACCGTAAGTG TTAATAGTAC ATTGATAGCT	7380
	GCATTTACTT CACTCATTTT TATGACTGTT AAACAATGAT TGTACCTTCA ATTAACAGTT	7440
	GGTACGATGG TTTTGCCATT TTTCATCAAC GTAAATATAA AAAGGACTAA GACACATACA	7500
15	TGTCCTAGCC CTATGGATAA AATGCAAATT TCTGCTTTAT CAAACTATC ACACTTTAGA	7560
	TAGATTGAAA ACAAAAAGAT CCTAAGAACA CCTTAACTTT TTATTAATTG TCATAAATTG	7620
	CAACAATTA AGCCACAATT CAAAAATGAT TATACTTCAT TCAACTTATC GTGCTGGTCT	7680
20	AATTTGCCAT TGATATGGAT CTTCAAATTG TTGCCAATCT GCATCAATTT CTTGCGCATT	7740
	GACTAAGCAT GCGTCGAGTT CTTTGTGTTA TTTTCTTCA TCTAATTCTG TACCAATAAT	7800
	GACAAATTGT GTATGACGAT CGCCATATTC TGGATCCCAT TCAGCTGCGA CATCTTGACG	7860
25	TTCTGCTAAT ATTTGTGTTT GTTGCGCTTC AGACATACTA GCCACCCAAT ATGTAAGTGG	7920
	ATGAATATTG CAAGATGACC CTGCTTGAGA TAATAAACAT GCTACGTGAT TGTATTGTGC	7980
30	TAGCCATACG ATACCTTTTG ATCGAACGAC ATTATTTGGC ATGCTTTCTA ACCAATCATT	8040
	GAACCTTTTA GCATGGAAAG GTAGACGACG TTTATATACA AACGATGATA TACCATATTC	8100
	TTCTGTTTCA GGTGTATGCG ATGCATGCCC ACCAGACTCA AGTTCTTTGA TCCATCCTGC	8160
35	TGACTCGCTC GCTTTTTCAA AATCAAAACG CTGCGTATTC AAGACTTCTT TTAAATCTAC	8220
	TTCAGAATTT GTTGTCTTAA TAATTTTAGC AGTCGGTTGC AATGCGCTTA ACATTTTTTC	8280
	TAAGTTGCTT AGTTCTTCTT CACTAATTAA ATCAATTTTA TTAATAATCA ATACATCACA	8340
40	AAATTCAACT TGGTCAATTA ATAAATCAGC AATCGAACGC TCATCTGTTT CGTCAACGCT	8400
	TTGATCACGA TCCATCAATA AATCTTCTGA GTTGATGTCA TGTACGAAGC GGTTAGCATC	8460
45	CACAACTGTA ACCATTGTAT CTAAACGGCA AATCGCTGTA AGATCAATGC CAAGTTCATC	8520
	ATCAATATAT GAGAAAGTTT GTGCAACAGG TACTGGCTCT GAAATCCCTG TTGACTCAAT	8580
	AACAATTTGA TCGATGCCAC CTTTTTTCAC TAAACGCTCA ACTTCTTTTA ATAAATCGTC	8640
50	TCTAAGTGTA CAACAGATAC AACCATTAGA AAGTTCGACT AATTTTTCAT CTGTACGCGA	8700
	TAGTCCCCCA CCATCTGCGA CAAGATCTTT ATCGATATTT ACTTCACTCA TATCATTTAC	8760
55	AATTACCGCG ATACGTCGAC CTTCTCGATT TTGTAAAATA TGATTTAACA ACGTTGTCTT	8820

ACTTCAATTT ATTTGTAAAT AGGAATAATT CTGTTTACACA TTATATAGGA GCGTTTCCTC 8940
 TTTTCGCAATC TTCGATAATA AAAAAATAGT ATACTTAATT AAATTATTGA GCGCTTTACT 9000
 5 TTATAATGGA GACAAAGATA TATCTCACGA AAGAGAATCG AGGTGTATAA ACATGTTATT 9060
 TGTCATTTTA GTTTTATATG TTACTGGTAT TGCATTTATT CTACTCAGTG TTTTGGTTC 9120
 AAAGACTGAA GGATTATCTA CGAAACATAC TTTATATACC ATTGGCAGTG CTATTATAAC 9180
 10 GATTGCTATT TTCATTTCAA TTGGCTATGC CATTCAATAC TTAAGTGCAG CGCTTTATGG 9240
 TTTGTAAGGT GAAGGTGATG AGTAACGGGT AGTTCGGGAG AGGTAACTT GCGTTGATTT 9300
 15 TGATAAAGTG ATCATAGCTT TTAGTACTTG AGGATTTTIA TTGTTGCTGT TACGAATGTG 9360
 GTCATGTTTA ATGCGGGACA GTAATTTAAG TTGTTTMTT ACAATTGAGA GTGTGATATT 9420
 TCGATTCCGT TCGAATTACT TTACATGGGA ATAATATAAA TAAAAAGAA GCGGCCTAGT 9480
 20 GTCAGTTGTG AATATACTGA ACATGGTTCG CTTTATTTAG TAGTATGATA TGAGTTTAG 9540
 CTATTAATTT TTTTCAGGTC ATCCTTAATG CTGCTATCT CAGACATGGC ACTTTTAACC 9600
 CAATCTCCTT GAGCTGCACC TTTAAAATTA GCTTTAAAAG ctTCGCAATG TTGCGCCATT 9660
 25 TGTTCAATTA ATACTTTTTT TCCACCTTTT AATCCGTTTT CAATATCTTT GTATTTATGC 9720
 TTATGTTTCA GTGCAATAAC TGTGCGAATA TTTTCTTTTT GCGCTTCCAT TTTAGATATG 9780
 AGATTAAAGTG TTTCTACTGT AGTACTTATA TCTGGCATT TTAAGGTCAT ATCTGGTTCT 9840
 30 ATTAGAGTCA TTAATCTCC TCCAAATTAT CAGTCACTTA GCTTATCTAA CTGCTTTTCA 9900
 TAAGACTTTT TTAAGTCTTC TTTATATTCT TCTAATTTC CATTCTTGCT TTCTGA 9956

35 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 353:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2411 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 40 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

45 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 353:

TTTCTTTTAA CAGaTTTATC cCATTAAATTG TTCTACAAGC CCACGaTGAG CAATATCATT 60
 TTTAGCAACC ATTAATAAAC CAGAAGTATC CATATCTATA CGGTGAACAA TACCTGGACG 120
 50 AATTTCTCCA TTAATACCTG ACAAATTTTT AATTTGATAC ATTAAACCAT TAACTAATGT 180
 ATTGGTATAA TGCCCTGGTG ATGGATGAAC TACCATGCCT TTCGGTTTAT ATACAACTGC 240
 AACATCGTCA TCTTCATAAT AAATATCTAA ATTTAAATTT TCAGGTAGAA TATCAGCTTC 300

55

	AACAACTTTA TCGTTTGCAA CGACTAAACC TGCTTTAATC CAATCTTGTA TCTGGTTACG	420
	AGACCAATCA TTATTTAATT CAGGCAGCAA CTTATCTACA CGCATACCTG TTTGTTCTTT	480
5	ATCTGTAATG TTAAATTCAT AAGTCTCCAT TACTTAACCT CCTTCTCCTT TTTATTGGAA	540
	GTATCCTTTA ATAAGGCAAT AATAATTAAT ATTACACCAA TTGTTAAACT TGAATCTGCG	600
10	ATATTAAATA TTGGAAAATC ATAACCAAAA ATATTTGTAT CAATAAAGTC AACAACTTCT	660
	CCTGTAAAA TTCTATCAAT AAAGTTTCCA AGTGCACCTG CAAAAAGTAA ACTAATAGCA	720
	ACTTGCATAA ACAAATTATA TTGAGCATCT TTAATAAAGA AATATACTAA GGCTATTAAT	780
15	ATAATAATGG TAATAATAAA GAAAAATGTC ATTTTTCAC TCAATATTCC CCATGcAGCA	840
	CCATTATTTT GATGTGaTGT TATGTTTAAA AAGTGC GGTA TCACTTCAAA TGAATCTCCA	900
	ATTTTCATTG TAGTAGCTAT AATATATTTA GTAACCTGGT CAAATATAAC GACAAATACT	960
20	GCTATTAAAA TGGAAGTGCC AATAAAATAT TTTTGTGCA TTTTCGTTCC TCCAATCAAT	1020
	CGTCCATGAG ACAACTCTTT ATATTATAGC TTACACCTGC TAATAAAAAA AGTAAGCATA	1080
	TTACATTAAA TCTAATGTTA CTAACCTCAAT ACTTGATAAA CTACTATGTT TTGACATTAA	1140
25	ATATGAACTT AATTATTCAT TTATCATATT TAAGATGACA TTAAAAATTA GGAAAGCAGG	1200
	CTGGAACATA AATCCCTAAA AAGACAGTAG TAAGATATTT TCTAATTAAA AATTATCTTA	1260
30	CTGCTGTTCT CTATTTATAC AATACTTCGT ATTGAATGGC TTCGCTATGC CCATCTGGCA	1320
	CATTACTGTA AAATTCTATA AATAGAATTT TTGATGATGG GTCCCTTCCT AGGGTGCCGT	1380
	CTCAGCCTCG GcCTTCGACT GGCAC TGCTC CCTCAGGAGT CTCGCCATTA ATACTACGTA	1440
35	TTAACATGTA ATTTTACTTT TAAATACTTT AAAAAATAA GACATGAATC GTCTACACTT	1500
	AATTGGACAA ATTCTATGAG AATAGATATT GTTAATTTAA GAAAGTAGGC TATTTTGAGT	1560
	TtCACTCGAA TGTCAGTTCG AGGAATAAAT AAAGTTAAAC GAGAGCTAGG TTTTGTATTA	1620
40	ATGGCAATTA ATATAAGGAA AATAGCAGCT CAACGAGCTG TACATTATAA AATACATATC	1680
	AAAAAGCTG ATTTCTATCA AATAATTAAT AGAAATCAGC TTTTTTACAT TGCCTAAGAA	1740
45	CTTAATGTCC CAAGCCCTAA AACTTGTTGT TATTTATTTG ATTTAGCAGC GATACGTTTA	1800
	TATCTTAAGT ACATAAATGC TAAAAGTATA AACCAAATCG GAATAAAATA AATTGCACGT	1860
	CTTGATCAA CATTAAATAA TAATAACCCG AACACAAAAA TGAAGAATAC AAATATTAAG	1920
50	TAGCCCATAT ATTTGCCACC TAATAGTTTG TACGTAGCAT TTTTATGTAG ATCTGGGTTT	1980
	TTACGACTAT AATTGATATA TGCAATGATA ATCAGACCCC ATACA ACTAA AAATAACACT	2040
	GTAGAGATGG TAGTCACATA CGTAAATACT TTTGTGCAT CTGGGAAAAT ATAGTTTAGT	2100

55

TTATTCGTCT TAGAAAAGTT CGGAGGTGCT TGTyGTTGAC TTGATAAACC GaAAAGCATA 2220
 CGGCTATTTG AGAATATACC ACTGTTACAT GATGAAGCAG CAGCGGTTAA TACTACAAAA 2280
 5 TTAATCAAGC CCGCAGCAAA CGGAATTCCG ATCAATGCGA ATrATTTTnC GAATGGACTG 2340
 TTATCAGGAT CAACTTGCTG CCAAGGGGTA ATAGACATGA TAACCGCTAA CGCCCCAACG 2400
 TnnnATATTA A 2411

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 354:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 15 (A) LENGTH: 605 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 354:

GnGAATTATT TTTAATAATG AAAGGATTAC TnCATGGGT TTTACTAGG AnTACCCAGA 60
 AGGTCAAAAT ATTTTGTATG CGCTAAGTCA ATATGAAGTT AAGCGACGCG GCGATATGGA 120
 25 AGAGGATCCA TCATATAAAC AACTCATTTT TATTGTTTA CTTGAAAATG AGCATGGCGA 180
 GATATTAGTG TATGAACGAT TATCTGGCGG TGGAGAAGCT CGATTGCATG GACAATCTTC 240
 AATAGGTGTA GGCGGTCATA TGAATGATGT TCCAGGAGCA GAATCTATTA ACGAAGTATT 300
 30 GAGAGTTAAT GCACAGAGAG AATTAGAAGA AGAAGTAGGT TTAAGTGAGC AAGATTCACA 360
 AAATATGGAA TATATCGGTT TTATTAATGA CGATAATAAT GAAGTGGGCA AGGTACATAT 420
 35 TGGTGTGTA TTTAAATCA CTGTAAGTAC GAATGATGTA GAAGCTAAAG AAACAGATAC 480
 TTTACGAATA AAATGGGTTG AAAAAGGCAA CATAGAGTCA TATGATGATT TCGAAACGTG 540
 GAGTGCATTA ATCCTTCAAG ATTTATAATC AAACGAGGTG ACATATATGT CAGATATTAT 600
 40 TCCAG 605

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 355:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 45 (A) LENGTH: 668 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

50 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 355:

TTTATTAGCA CATCCAACT ATTCATATGT TGGACAATTT TTAAACGAAC TAGGATTTAA 60

ACAATTAGAC ACTGAACATT TAGCTGATTT AAATCCAGAG CGTATGATCA TTATGACAGA 180
 TCATGCTAAA AAAGATTCTG CTGAATTCAA GAAGTTACAA GAAGATGCAA CATGGAAAAA 240
 5 GTTGAATGCA GTTAAAAATA ATCGCGTGGA TATTGTTGAC CGTGATGTTT GGGCAAGATC 300
 TCGTGGCTTA ATTTCTTCTG AAGAAATGGC TAAAGAACTT GTTGAATTAT CAAAAAAGA 360
 ACAAAAGTAA GGTGGAAGTA AATGGCTATA AAAGAAATAA GTAGCCAATC TGCCATAGAT 420
 10 CATAAAAGAA AAAGACGCAC AACACTCACG TATATAGTGA GTTGTGCTT TCTTTTTATT 480
 TGTATATATT TAAATATGGC GATTGGTTCT TCGAAAATTA ATTTTAGCGA TATCATTCAC 540
 15 TATGTTACTG GTCATACAGA TACGAAAGCA ACGTTTTTAT TGCATAATGT ACGTATGCCA 600
 AGGATGATTG CAGGGTTATT TATTGGCGGT GCATTAGCGG TATCTGTTT GTTAATGCAA 660
 GCAATGAC 668

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 356:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 787 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 25 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 356:

30 ATACAAAAAA ACATATCGAA AATAAAGCTA AAAGAACTA TCAAGTTCCA TATTCAATTA 60
 ATTTAAATGG TACATCTACA AACATTTTAT CGAATCTTTC ATTTTCAAAT AAACCTTGGA 120
 35 CAAATTACAA AAATTTAACT AGTCAAATAA AATCAGTACT GAAGCATGAT AGAGGTATTA 180
 GTGAACAAGA TTAAATATAT GCTAAGAAAG CTTATTATAC TGTTTATTTT AAAAATGGTG 240
 GTAAAAGAAT CTTACAGTTG AATTCAAAAA ATTACACAGC AAACCTTAGTT CATGCGAAAG 300
 40 ATGTTAAGAG AATTGAAATT ACTGTTAAAA CAGGAACTAA AGCGAAAGCA GACAGATATG 360
 TACCATACAC AATTGCAGTA AATGGCACAT CAACACCAAT TTTATCAAAA CTTAAAATTT 420
 CGAATAAACA ATTAATTAGT TACAAATATT TAAATGACAA AGTGAAATCT GTATTAAAAA 480
 45 GTGAAAGAGG CATCAGTGAT CTTGACTTAA AATTTGCGAA ACAAGCAAAA TATACAGTAT 540
 ATTTCAAAAA TGGAAAGAAA CAAGTAGTGA ATTTAAAATC AGACATCTTT ACACCTAATT 600
 TATTTAGTGC CAAAGATATT AAAAAGATTG ATATTGATGT AAAACAATAC ACTAAATCAA 660
 50 AAAAAAATAA ATAAATCTAA TAATGTGAAA TTCCAGTAA CAATAAATAA ATTTGAAAC 720
 ATAGTTTCAA ATGAATTTGT GTTCTATAAT GCAAGCAAAA TTACmATTAA TGaTTTAAGT 780

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 357:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 534 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 357:

```

AAAGTAAAAA TAAATCTCCC TTTTAACTT TCGTTTCTGC CATAGCCATT GCTTCTTCTG      60
TGATAGTTGC TACAATATCT TTTCTTTCAC GGTAAAAATG TTCAACTTGT TCTGCTAAAA      120
ATGCAGCTTC TTCTTCGACG TCAGTCATCA ACAATTCGCa AGCTAATGAT GCGTCATCTA      180
AACGACCTAC AGCATTAAAGT CTAGGTCCAA TAATAAAACC AATTGTTTCT TCATCAATAT      240
TGTCATTGTA TCCCGCTTCT TTTAGCAATG CTTTAAACAGA GGTCGGACAT TGATCATTTA      300
AGACTTTTAA TCCTTGTTTC ACTAATGATC GATTTTCATC AGTTAAGGAT ACTAAATCCG      360
CAATGGTACC TATCGCAACT AATGCTTTAA AATAATCAGG TACATTTtCA ATCAATGCTT      420
GTGCTAATTT GTATGCAACA CCTGCACCAC ACAATTGTTG GAACGGATAA TTAAACGATG      480
GATGCATTGG ATGTACGATT GCATATGCTT CTGGTAATGT ACTACCAATT TCAT          534

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 358:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3621 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 358:

```

GGTGAGTCAA ATTAAATGAA TCTAATAAGT CATAACTATC TATTTGTAAT GTGCAACGCT      60
TAACGCATAT ACAAATGAA TGTGCTGATA ATGATTTACT CAAATTAAAA GGTGATTTTT      120
ATTCAATGAT GAATGAAAGT TGCCTTTTTA TTTTGGTAA AAGTTAATGC GTCAGTGAAT      180
TGTGTAAGTT TTTCAAAAAG TAAAAAGAAA TAATAAAGGT GAATTATTAG AATTCCArAA      240
ATAATTCATT ACATTCATAA AGCATTTTAC AAATGGTAAG AAAATGAGTG TTACAAATCT      300
AAATATTGCA AAAGAAGCTG ATTTAGTCAC AAAAAATGTC CTATGTAATA ATTCGAGAAA      360
GATGCACTAT ATACGGTCTT CTTACTATTC AAATGTAAAA GTTGCTTATT TCGTGGCTT      420
TTTGTTTTAT AAAAGTATAA AATTTTACTA TAATATATCT TGTAGAGAAC AATGAAATGA      480

```

	ATAGCAAAC	GTATTACTTT	GATACAAAA	TGGTTGTAAT	AAATATTTAT	CGATATGACG	600
	ACTTGAATAT	GATAAAGTGA	CATATTTATG	TATATGACTA	TTTCGCAAAA	TGTAATCGAG	660
5	GTAGAATTTT	TTGACAATTC	TGTCAGTTTA	TAAGATGTTA	TAAATATGTA	GTGTATAAGG	720
	AGGCAAACAA	GATGACTGAA	GAATTCAATG	AATCAATGAT	TAACGATATT	AAAGAAGGTG	780
10	ACAAAGTCAC	TGGCGAGGTA	CAACAAGTTG	AAGACAAGCA	AGTTGTTGTT	CATATCAACG	840
	GTGGTAAATT	TAATGGGATT	ATTCCTATTA	GTCAACTATC	TACGCATCAT	ATTGATAGCC	900
	CAAGTGAAGT	TGTAAAAGAG	GGCGACGAAG	TTGAAGCATA	TGTCACTAAA	GTTGAGTTTG	960
15	ATGAAGAAAA	TGAAACTGGA	GCTTACATCT	TATCTAGAAG	ACAACTTGAA	ACTGAGAAGT	1020
	CTTATAGTTA	TTTACAAGAA	AAATTAGATA	ATAATGAAAT	CATCGAAGCG	AAAGTAACAG	1080
	AAGTAGTTAA	AGGTGGTTTG	GTTGTTGATG	TAGGACAAAG	AGGTTTTGTT	CCGGCTTCAC	1140
20	TAATTTCAAC	AGACTTCATT	GAGGATTTCT	CTGTGTTTGA	TGGACAAACA	ATTCGTATTA	1200
	AAGTTGAAGA	ATTGGATCCT	GAAAATAATA	GAGTCATTTT	AAGCCGTAAA	GCAGTTGAAC	1260
	AAGAAGAAAA	CGATGCTAAA	AAAGATCAAT	TATTACAATC	TTTAAATGAA	GGCGATGTTA	1320
25	TTGATGGTAA	AGTAGCGCGT	TTAACTCAAT	TTGGTGCATT	TATAGACATT	GGCGGTGTTG	1380
	ATGGTTTAGT	GCATGTATCT	GAACCTTCTC	ACGAACATGT	TCAAACACCA	GAAGAAGTAG	1440
30	TTTCAATTGG	TCAAGATGTT	AAAGTTAAAA	TTAAATCTAT	TGATAGAGAT	ACAGAACGTA	1500
	TTTCATTATC	AATCAAAGAT	ACGTTACCAA	CACCTTTTCA	AAATATTAAA	GGTCAATTCC	1560
	ACGAAAATGA	TGTCATTGAA	GGTGTCGTAG	TAAGATTGGC	AACTTTGGT	GCATTTGTTG	1620
35	AAATTGCACC	AGGTGTACAA	GGACTTGTA	ATATTTCTGA	AATTGCACAC	AAACACATTG	1680
	GTACGCCAGG	TGAAGTGTTA	GAACCTGGTC	AACAAGTAAA	TGTTAAAATA	TTAGGTATTG	1740
	ATGAAGAGAA	TGAAAGAGTA	TCACTATCTA	TTAAAGCAAC	ATTACCAAAC	GAAGATGTTG	1800
40	TTGAAAGTGA	TCCTTCTACG	ACTAAGGCGT	ACTTAGAAAA	CGAAGAAGAA	GATAATCCAA	1860
	CAATTGGCGA	TATGATTGGT	GATAAACTTA	AAAATCTTAA	ACTATAATTT	AATATTTAAT	1920
45	AGTCAACTCC	ACATGTTTAT	GATTGcATGT	GGAGTATTTT	TATGTAACAA	AATATACTCG	1980
	GAATGATAAC	GTGGgACAAA	TTTAACTAAG	TGTTTAAAAA	GATArAGTTT	TAAGTGctGa	2040
	tTTTTATCAT	TACAGTAATA	AACTCATTTT	GAATACACAG	TCTCATGTGA	TATTATTAAA	2100
50	AAGATATaAG	AAAGAGAGGA	AGTTAGCTTA	TGACTAAACC	TATAGTAGCT	ATTGTAGGTA	2160
	GGCCTAATGT	AGGTAAATCT	ACAATTTTTA	ATAGAATAGT	TGGAGAACGT	GTTTCGATTG	2220
55	TGGAAGACAC	GCCAGGTGTA	ACACGAGATC	GTATTTATTC	TTCAAGGTGAA	TGGTTAACAC	2280

AAATTAGAGC GCAGGCAGAA ATCGCCATAG ATGAAGCGGA TGTTATTATT TTTATGGTTA 2400
 ACGTGCGTGA AGGATTGACA CAAAGCGATG AAATGGTCGC TCAAATTTTA TACAAATCTA 2460
 5 AAAAACCGGT CGTATTAGCG GTTAACAAAG TAGATAATAT GGAAATGCGT ACAGACGTGT 2520
 ATGATTTCTA TTCATTAGGA TTTGGTGAAC CGTATCCGAT ATCAGGGTCA CATGGTTTAG 2580
 GTCTTGGTGA CTTGTTAGAT GCAGTTGTTT CTCATTTTGG TGAAGAGGAA GAAGATCCTT 2640
 10 ATGATGAAGA TACAATTCGA CTATCCATTA TTGGACGACC AAACGTAGGT AAATCAAGTT 2700
 TAGTAAATGC TATTTTAGGT GAAGATCGCG TTATCGTTTC TAATGTTGCA GGGACAACGA 2760
 GAGACGCTAT TGATACAGAG TATAGTTATG ATGGACAAGA TTATGTTTTA ATCGATACTG 2820
 15 CTGGTATGCG TAAAAAGGA AAGTATATG AATCAACTGA GAAATATTCA GTATTAAGAG 2880
 CTTTAAAGC GATTGAACGT TCAAATGTTG TTTTAGTGGT CATAGATGCA GAACAAGGCA 2940
 20 TCATTGAACA AGATAACGT GTTGCAGGAT ATGCACATGA ACAAGGTAAA GCAGTCGTGA 3000
 TTGTCGTAAA TAAATGGGAT ACTGTGGAAG AAGATAGTAA AACCATGAAG AAATTTGAAG 3060
 ATGAAGTACG TAAAGAATTC CaATTTTAG ATTATGCACA AATGCTTTT GTGTCTGCTA 3120
 25 AAGAACGCAC AAGATTACGT ACATTATTC CTTACATCAA TGAAGCAAGT GAAAACCATA 3180
 AAAAACGTGT TCAAAGTTCA ACTTTAAATG AAGITGTTAC TGATGCAATT TCCATGAACC 3240
 CTACACCAAC AGACAAAGGT AGACGTTTGA ATGTCITTTA TGCAACACAA GTTGCTATAG 3300
 30 AACCACCGAC ATTTGTTGTA TTTGTTAATG ATGTAGAATT AATGcATTTT TCTTATAAAC 3360
 GCTATTTAGA GAATCAAATC CGTGCCGCTT TTGGTTTGA AGkTACACCA ATTCATATTA 3420
 TAGCTCGAAA GAGAAATTAA CGATTGGGGG ATAACAATGA CTAAAATTAC CGTTTTTGGT 3480
 35 ATGGGAAGTT TTGGGACAGC CCTTGCCAAT GTTCTTGCAG AAAATGGACA TGATGTTTTG 3540
 ATGTGGGGTA AAAATCAAGA TGCTGTTGAT GAATTAAATA CATGTCATAC AAATAAAAAG 3600
 40 TATTTAAAAT ACGCGAAATT A 3621

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 359:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 643 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 359:

CTTTCGGAAA TTAGGATCnG nGCTATCTTG GCCCCAATTA CCAAGGGAAC TAntGGCACC 60

	AATGCTCTT TCATCTCCAT GCCCTGTTGC TCATTATTAA TAACACGGTC TATTAACACA	180
	ATGGCATTG TTAACGAT TCCAATTAAC ATTAGCATAC CAATTAACT TGGTACTGAT	240
5	ATTGTTTCTC CTGTGATTAA TAGTGCAATA ATTACACCGA TAACTGTAAA TGGTAAAGAG	300
	AATAAAATTG TAAATGGTGC TAGGCCACCT TTAAATGTAA TAACTAGGAT TAAATATACG	360
	ATAATGATTG CAGCTAACAT TGCAAAGGCT AATTGTGTCA TTGCATTGTT AATATCATCT	420
10	GATGCACCAC CGATATTAAC CTTTACATTA TTCGGTTTAT CCAAATTATT TATTTTAGAC	480
	ATCACTTGTC GTGTTGTGCC ACCCACATCT TTATTTGTGA CTTTAGCAGA TACCGTCGTT	540
	GCATAATCTC CTTGTTCTTG CGTCAATTTA CTTGGTGTGC TTGTTTTAAC TAACGTAGCG	600
15	ATATCTCCCA ATTTAATCGT ACCACCAGTC GGCTTTTTCA AAG	643

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 360:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2524 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 360:

	TTTCAGGCyG TGCAAGGGCT TTTTCTTTTG CTTTTAAGAT TATGATTTAT CGTGCAAAGT	60
30	TAAGTGGTCG TATATAGTTT TAGTTTTAAA AAGGTAATTA AATAAAATAG TTTGCCGAGG	120
	GAGATGTCAA AATGATTAAA ATACCTAGAG GGACGCAGGA TATTTTACCT GAAGATTCAA	180
35	AGAAATGGCG TTACATTGAA AATCAATTAG ATGAATTAAT GACATTTTAT AATTATAAAG	240
	AAATAAGAAC ACCAATTTTT GAAAGTACAG ATCTTTTTGC AAGAGGTGTT GGTGATTCAA	300
	CCGATGTCGT ACAAAAAGAA ATGTATACAT TTAAAGATAA AGGCGATAGA AGTATTACAT	360
40	TAAGACCTGA GGGAACAGCT GCAGTTGTGC GTTCATATAT TGAACATAAA ATGCAAGGTA	420
	ATCCAAACCA ACCAATTAAA CTTTATTACA ATGGACCGAT GTTTAGATAT GAACGTAAGC	480
	AAAAAGGACG CTATCGTCAA TTAAATCAAT TTGGTGTAGA AGCTATTGGT GCTGAAAATC	540
45	CTAGCGTAGA TGCAGAAGTA TTAGCTATGG TTATGCATAT TTATCAATCA TTTGGATTAA	600
	AACATTTAAA GCTTGTTATT AATAGTGTAG GGGATATGGC GTCTCGAAAA GAATATAACG	660
	AAGCGTTAGT GAaACACTTT GAACCAGTAA TTCATGAATT TTGTTGAGAT TGTCAATCAC	720
50	GTTTGATAC AAATCCGATG CGAATTTTGG ATTGTAAAGT AGACCGTGAT AAAGAAGCGA	780
	TTAAGACTGC ACCTAGAATC ACTGATTTCT TAAATGAGGA ATCTAAGGCA TATTATGAAC	840

	GTGGATTGGA TTATTATACA CATAACGAT TTGAATTAAT GATGGATAAC CCTAACTATG	960
	ATGGTGcCAT TACAACGCTT TGTGGTGGTG GCCGTTATAA TGGTTTATTA GAATTGCTAG	1020
5	ATGGTCCAAG TGAACAGGT ATTGGTTTTG CGCTAAGTAT AGAACGATTA TTGCTTGAC	1080
	TTGAAGAAGA AGGTATCGAA TTAGATATTG AAGAAACTT AGATTTATTC ATTGTTACAA	1140
	TGGGTGATCA AGCAGATCGA TATGCTGTGA AGCTATTAAA TCATTTGAGA CATAATGGTA	1200
10	TTAAAGCAGA TAAAGACTAT TTACAGCGTA AAATTAAAGG ACAAATGAAA CAAGCAGACC	1260
	GTTTAGGTGC CAAGTTTACA ATCGTTATTG GTGATCAAGA ATTAGAAAAT AATAAAATCG	1320
	ATGTTAAAAA TATGACAACT GGTGAATCTG AAACAATTGA ATTAGACGCA TTAGTCGAAT	1380
15	ATTTTAAGAA GTAGAGAGGG CGTTAAATA TGAGTAAGAG AACAACTTAT TGTGGATTAG	1440
	TTACTGAGGC ATTTTATAGGA CAAGAAATTA CATTAAAGG ATGGGTTAAC AATCGTCGTG	1500
20	ACCTTGGTGG ATtGATTTtC GTTGATTtAA GAGATAGAGA AGGAATTGTA CmAGTCGTGT	1560
	TTAATCCTGC ATTTTCAGAA GAGGCaTTGA AAATTGCTGA AACAGTACGT TCTGAATATG	1620
	TTGTAGAAGT TCAAGGTACA GTTACGAAGC GTGACCcTGA AACAGTTAAT CCTAAAATTA	1680
25	AAACTGGCCA AGTTGAAGTA CAAGTTACAA ATATTAAAGT GATTAAATAA TCTGAGACAC	1740
	CACCATTTTC TATAAATGAA GAAAATGTTA ACGTTGATGA AAATATTCGA TTAAATACC	1800
	GTTATTTAGA TTTACGTCGT CAAGAGTTAG CGCAAACATT TAAAATGAGA CATCAAATTA	1860
30	CACGTTCTAT TCGTCAATAT TTGGATGATG AAGGGTTCTT TGACATCGAA ACACCAGTAC	1920
	TAACGAAGTC AACACCTGAG GGTGCACGTG ACTATTTAGT ACCATCTCGT GTTCATGATG	1980
35	GTGAATTTTA TGCATTACCA CAATCACCAC AATTATTTAA GCAATTATTG ATGATTAGTG	2040
	GATTTGACAA ATACTACCAA ATCGTAAAAT GCTTCCGTGA CGAAGATTTA CGTGCAGATC	2100
	GTCAACCTGA ATTTACACAA GTCGATATTG AAATGAGTTT TGTAGACCAA GAAGATGTGA	2160
40	TGCAATGGG TGAAGAAATG CTTAAAAAAG TTGTTAAAGA AGTTAAAGGC GTTGAAATTA	2220
	ATGGCGCTTT CCCACGCATG ACATATAAAG AAGCGATGCG TCGCTATGGT TCTGATAAAC	2280
	CAGATACACG TTTTGAAATG GAATTAATTG ACGTTTCTCA ATTAGGACGT GATATGGACT	2340
45	TTAAAGTATT TAAAGATACT GTTGAAAATG ATGGTGAAAT TAAAGCAATT GTCGCTAAAG	2400
	GTGCAGCTGa ACAATATACT CGTAAAGaTA tGGGaTGCTT TAACAGAATT TGtaAACaTC	2460
	ymTGGtGCTA AgGtTAGCGT GGGGTAAAG TTGTGGGAAG GTGGTTTTGA CAAGGTCCCA	2520
50	ATGG	2524

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 361:

55

(A) LENGTH: 1507 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 351:

10	TCGTTGAGTA AAAGTCCAGA AAATTGGATG AGTAAACTTG ATGATGGAAA ACATTTAACT	60
	GAGATTAATA TACCGGGTTC ACATGATAGT GGCTCATTCA CTTTAAAGGA TCCAGTAAAA	120
	TCAGTTTGGG CAAAGACTCA AGATAAAGAT TACCTTACCC AAATGAAGTC GGGAGTCAGG	180
15	TTTTTTGATA TTAGAGGTAG AGCAAGTGCT GATAATATGA TTTCAGTTCA TCACGGCATG	240
	GTTTATTTGC ATCATGAATT AGGAAAATTT CTCGATGATG CTAAATATTA CTTGAGTGCT	300
	TATCCAAACG AAACAATTGT GATGTCTATG AAAAAGGACT ACGATAGCGA TTCTAAAGTT	360
20	ACGAAGACAT TTGAAGAAaT TTTTAGAGAA TATTATTATA ATAACCCGCA ATATCAGAAT	420
	CTTTTTtACA CAGGAAGTAA TGCGAATCCT ACTTTAAAAG AAACGAAAGG TAAAATTGTC	480
25	CTATTCAATA GAATGGGGGG TACGTACATA AAAAGTGGTT ATGGTGCTGA CACGTCAGGT	540
	ATTCAATGGG CAGACAATGC GACATTTGAA ACGAAAATTA ATAATGGTAG CTTAAATTTA	600
	AAAGTACAAG ATGAGTATAA AGATTACTAT GATAAAAAAG TTGAAGCTGT TAAAAATTTA	660
30	TTGGCTAAAG CTAACACGGA TAGTAACAAA GACAATGTAT ATGTGAATTT CTTGAGTGTA	720
	GCGTCTGGAG GCAGCGCATT TAATAGTACT TATAACTATG CATCACATAT AAATCCTGAA	780
	ATTGCAAAAA CGATTAAAGC AAATGGGAAA GCTAGAACGG GTTGGCTGAT TGTGACTAT	840
35	GCAGGATATA CGTGGCCTGG ATATGATGaT ATCGTAAGTG AAATTATAGA TAGTAATAAA	900
	TAAGGATTCA ATAATGATAT TAAGACGAGT ATGAAAATAG TTAGATTCTA ATTATTTTCA	960
	CTACTCGTTT TTATTTTGAA AATAAGTAAT AATTCAACAA TATTATAAAT TGAACAGATT	1020
40	GTTTGTGAAA TTTTGTGATA TATTAAAGTG AAAAAGTGTT ATAAATTGAT AAATATATGT	1080
	AATTAACAAA AACAAATCAT TTTAAAAAGA AGAGAGTTGT AAGATGATGa AACGATTAAA	1140
45	CAAATTAGTG TTAGGCATTA TTTTCTGTT TTTAGTCATT AGTATCACTG CTGGTTGTGG	1200
	CATAGGTAAA GAAGCGGAAG TTAAGAAAAG CTTTGAAAAA ACATTGAGTA TGTACCCTAT	1260
	TAAAAATCTA GAGGATTTAT ACGATAAGGA AGGCTATCGT GATGATCAGT TTGATAAAAA	1320
50	TGATAAAGGT ACATGGATTA TAAATTCTGA AATGGTTATT CAACCTAATA ATGAAGATAT	1380
	GGTAGCTAAA GGCATGGTTC TATATATGAA TAGAAATACC AAAACAACAA ATGGTTACTA	1440
55	mTATGTCGAT GTGACTAAGG ACGAGGATGA AGGAAAACCG CACGACAATG AAAAAAGATA	1500

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 362:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1216 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 362:

TACATGTTTC	GGATGCTACT	TTATTAGTT	TGAAGGGTGC	ATTATGGACG	TTAGCGCAAG	60
AAGTTTATCA	AGAATGGTAT	TTAGGATCGA	AGTTGTATGA	AGATGTTGAA	AAGAAAATAG	120
CACGAACTAC	TTTAAAGACA	GGTTATATTT	ATCAAGAAAT	TATTTTGAGA	CCAGTAGATG	180
AAGTTAAGGT	ACTTCTGAAT	GATTTAAAG	GTGCTGGTTT	CGAATTAGGT	ATTGCAACAG	240
GTCGTCCTTA	TACTGAGACT	GTTGTGCCAT	TTGAAAATTT	AGGATTGTTA	CCATATTTTG	300
AAGCTGATTT	TATTGCAACA	GCAAGTGATG	TTTTAGAAGC	AGAGAATATG	TATCCGCAAG	360
CACGACCATT	AGGAAAGCCG	AATCCTTTTA	GTTATATCGC	AGCTTTATAT	GGTAATAATC	420
GCGATAAATA	TGAATCTTAT	ATCAATAAGC	AAGATAACAT	TGTAAATAAA	GATGACGTAT	480
TTATAGTAGG	CGATTCGTTA	GCTGACTTAT	TAAGTGCTCA	AAAAATAGGT	GCAACGTTTA	540
TTGGAACATT	AACAGGTTTA	AAAGGTAAGG	ATGCTGCAGG	TGAGTTAGAA	GCGCATCATG	600
CCGACTATGT	TATTAATCAT	TTAGGTGAAC	TTAGAGGTGT	ACTAGATAAT	TTGTAATTTG	660
ATTGTTGTTT	GACAGCATAA	CTTGTAGTGA	ATGATTGAAC	CAAAGGTTTC	ATATTGAGTT	720
ACAATGAAAT	TAATAATGAA	AAAATGCCAA	GAAGCAATGG	AAGTAATCCA	ATGTCTTCTT	780
GGCATTTTGA	ATTTACATAA	ATTGTTTATG	ACTGTACCGT	CAATTCAGTT	GTGAAAATTT	840
GATTGTATTC	ACCAACTTGT	TTAAGTTCAT	CAATTATATT	GTTTGAAACA	GGTTGATCAA	900
CGGATAAAAT	CATTAGCGCA	TCTCCGCCCG	CTTCAGTTCT	ACCTAAAGTC	ATAGATGCAA	960
TGTTGATATT	GTATTTACCT	AACAATGCGC	CAGTTTTTCC	TACCATACCT	GGAGTATCAT	1020
TATGATATGA	CACAATTTGA	TATTGATTTG	GCTTTAAGTC	TACAGAAAAA	TTATTAATTC	1080
TAACAATTCT	TGGACCGAAA	CCTGTAAAGA	CAGAAGCGCC	AACTTTAACG	GAATCGCAT	1140
CGnTTGATAG	TTCTACCTCT	AAGTAGTTAC	TAAAACCTGT	CTCTGCTTTA	TTATTTTCAA	1200
TATTTAATGT	CACTTG					1216

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 363:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 867 base pairs

(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 363:

	ATCAAAATAT TTTAAATAAT ATTGATGGTC ACATTGTAAA TTTAATAGAA AATAAATTTG	60
10	ATCAAATATT ACAAGAACCA TTAAATCCAT TAAATTATGA TACTGTCAGT GGATTAGCTG	120
	GGATAGGGAG ATATTTGCTA AATAGAGTAG ATGAGAATGA ATTTAATGTT AAAGCATTAA	180
	AAAGCATATT AGTATACTTT AAAGATATTC AATATTCTAA AAATAGCTGG GTAGTCCCAC	240
15	AAGAGTCA ATTTTGTAGAG TCTGATAAAA ATTATTTTAC TGAAGGTAAT ATCAATCTTG	300
	GCCTTGACCA TGGAGTGCTA GGACCGATGT CTTTATTTGC ATTATGCGTG ATTAAAGGAA	360
20	TTACGATTGA AAATCATCAG CACATATTAA AAGACATGTA CAAATTTATC ATGGACGAAA	420
	AATTTTGTAA CCACGAAAGA TGGTTGCAGC GTTACGATTT AATTTCTGAA CGTAATCATT	480
	TCAATTTTAT TCGGAATGGT TGGTGTATG GCAATACGGG TGTAAATGACG ACGTTGTTTT	540
25	TAATCGGCCA AGCATTACAA GATGATGAAA TAATTAAAT GTCTAAAAAA GTGATGCTAC	600
	AAGTAGTAAA TGATAAGAT GAAAATTTAA TAAGTCCAAC TATTTGTCAT GGATTGTCAT	660
	CACAAATATT AATGTTAACA ATTATGAATT TGAATTTTGA ATTAAATGAA GTGTCTGATT	720
30	ATATCACTGT ATTAATAAAT AAAGTATTT CTCATTATAA GGAAGATTAT CTGGTGAATT	780
	TTATAGACAT TAATGAAAAT AAGCAAGATG TATTTAAAAG TAGGAAAGTT GGCCTTTTAG	840
	AAGGTGAATT AGGGGTCATC TAACATT	867

35

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 364:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 10813 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

40

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 364:

45

	TACCTTTTCT TTTAAATCAT TTTATATTTT CCCaCTAATA TCCGcTGcTA ATCaATCctG	60
	ACATCctTGT ATCaCTATGA CAATTAATTG TTAAATACAT GAATTTCTAC ATTTTATGAA	120
50	AAAATCCATT TTTATTACAA TTCAACACTT TATATGACAA CTTcATTACA GTTACTTTTA	180
	TTGTTGATTG CTTACATTGT TTTCTAAAAA AAATTTGTTA TCATAATTAA CGTTGAATAA	240
	AGAAAAAAT TAACCTGGGA GATAAAAATG GAATATAAAA AGATACTAAT TCGTTTATTA	300

55

	CAATCGCATG CCGCAGTTAA TTATTATAGT AAAAACCAAT GTACATGGTG GGCATTTAAA	420
	CGTCGCGCAC AAGTCGGTAA ACCTGTTTCT AATAGATGGG GCAATGCTAA AAATTGGTAT	480
5	TACAATGCAC GTAAATCAAA ATATGCGACT GGTCGTACAC CAAGAAAATT TGCTGTCATG	540
	CAATCAACTG CAGGATATTA TGGACATGTC GCAGTTGTTG AACCAAGTATA TAAAAACGGT	600
10	AGTATTAAAG TTTCAGAATA CAACTTTTAT CGCCCATTA AATACAATAC ACGTGTACTA	660
	AGCAAAAAGG CAGCACGTAA CTTTAACTAT ATTTACTAAT CAAAAAATT CTATCACGAA	720
	CGCTTCAATT TCCTGTATGC GTGTGATAGA AGTTTTTATT TTATGAAATT ATATTATTAC	780
15	TTCTACAAAT TTCAAATTGC CGTAATTGAA CGTATAATTC TTCTTCAACT ATTATTTTCAT	840
	CTTTAGCATA ATCTATATAT AAAATTTTAT GCTATTATT AAATAATTCG CTATAACTTA	900
	ACATACGTTT TCGATATAAA CCTTGTTCTA AATCTCAATA ATTTTTTGCT GTTTTCATCG	960
20	TCATTAGTTA AAAAAATAAT TTAAGTGTAG TTTTGAGACC TGTTTAAATT GATGACTCAA	1020
	AACCTTTATC CCCTTTTCAC TCGGTTTAAAT TGCTTTAATA TTTAACACAG TCTCATTTGA	1080
	ATTTTGCTAC TAAGTTTGAA ATATTTTCAT TCGAATGTGA ACATCATTTA TTATTACTTT	1140
25	CGACAGCTAG AAAAATATTG TTAAACCAAA ACTATAATTA CCACTTTTAT ATAGAAGTAT	1200
	ATATAAATTT TAACTTTGAG ACAGAACTGC TAGTCAGGTT TATGAATATA TTTCTTTAGT	1260
	TTACTTGaTA TACTTATTGG TAAATCATT TTTATTGAA GAGCATTTAT AACAAAAAGT	1320
30	ATAATCCCAG TTATAGCGAT TCCATGACCA TTTTATCAG TCAAAGATTC ATCAACAAAA	1380
	ACTTTTTGAT AAATTTATAT ATTTGTATAA TTTATTATGG TAGATATCTA CACCCGTATC	1440
35	TATAACAGCT ACAGTTATCA TTGCGTCTTA TCCAAATAGT TTTTAAGAAA TAAATATAAT	1500
	TCATTAATAT CATGGCTATT TGTAACGTCA GtGCTTaAGA CCTTGTCAAT TATTGTTTTA	1560
	TCTGTTTCTA AGAGCCCCTG ATTTTCTGCA TACATATTTT GTATATCGCT GTTAATCTCA	1620
40	TTTAATTTTT TAAATTTTTT TCTAACCTTT TTCAAATAA AATGCTCTTT AATTCCATCT	1680
	CTTAAATACA TATAAATCTC TATTATAATC TCCATAAATG TCATATCTCC TCTCTCAAAA	1740
	AACATTATAC TCAATATATT AAAAATAAGA AAGGTTTTTT CAGAATTTTT AGTATTTTCA	1800
45	GATATTTATT CTTAAGTATC TTATTATTAC TTCTTTTAA CGCTAGTGGa ATAATTAATA	1860
	ATAATTGTAT TTAAATGCAA TGCTGTTGTT CTTTCATACT TACAAGCAAG TCATAAGAAA	1920
	TGAGAAATTA AATTCTTATA TGATGAATAA ATGATGACTG CAGAAGAAAT TGCTAAAAAA	1980
50	GGAGTGGAGT GAGGCATTCT ACTGTTTATA TTGTTAACAA ATATCAAAAT GATAGGAACT	2040
	TGAAGAATCT AAGACTGTTA AAATCGAGAC AAGAAGAAAC TCGTTCCAAA TTTGAATCCT	2100

55

AAAACTTCTA TCACGAACGC TTCAATTTCC TGTATGCGTG TGATAGAAGT TTTTATTTTT 2220
 GTTCATATTA ATTTATCTAA GCGCTACGAT GGaCTGACTT AAACCTTTCT TTA AAAATCGC 2280
 5 TATTGCCCAT TTA CTATTGT TGTCTAATTT CTTGTAAAAT ATGTTCCGCT GCTTGTGTAT 2340
 TTGCACGGGG TTCTTTTTTC AAAGCTTCAG CTACTTTAGC AATTTCATCA CCTTTTGCCC 2400
 10 CTACAACGAT AGCTAATGAT TTATATTGTA AACTCATATG ACCTTGTTGA ATACCTTCTG 2460
 ACACAAGCGC GCGACATGCT GCAAAGTTTT GCGCTAAACC AACGGCAGCA ACTACATGAC 2520
 CTAATTCTTG TGCTGACTCT ACATTTAGTA GCTCTAATGA AGCTTTAGCA ATTGGTAATA 2580
 15 CTTTTGTACC ACCGCCAACG ATTGCCAATG TCATAGGCAC TTCAATTGTA CCAATCAATC 2640
 GTTGACGATC TTGATCGTAA CGCCATGTAG CAATACCACG ATACTGTCCG TCACGACTCG 2700
 CGTATGCATG CGCACTTGCT TCTGCACCAC GCGTATCATT TCCTGTTGCT AAAACAACAG 2760
 20 CATGTATGCC ATTCATAACA CCTTTATTAT GTGTTGCTGC ACGATGAATA TCTACTTGGG 2820
 CCAATACAGA AGCAGGTTCC ATTCGTTTGG CAACCTCTTC TCCAGTTCTC TCGCCCCTTG 2880
 CTAAATCTTT AACATCAATT TCGCCTTGAA CTTTAAACAAC GGACGCTGTT GCATGATTGG 2940
 25 ATAAAATACT CATTAAAATG TCGCTTTGCG GAAATTCATT TTTTAAAAAT GCAGTTATGG 3000
 CCTCTAAAAT CGTATTAAAGC ATATTAGCGC CCATAGCATC TTTCGTATCA ACAAATACTT 3060
 TTAAAGATAG TAACTGTTGC TCAGGAAATG TATCAATCGC TATACGTTGG TAACCACCAC 3120
 30 CACGCGCTTT AATAGAAGGA TATGCCTCAT CCGCAATTTT ATGAATTTGC TTTTCTAAAG 3180
 CTTTAATGTC TGCTGATAAT TTTTCAGTAT CGTCAACGCC ATCAAAGACG ATTTGACCTA 3240
 TCATAATACG TTCAGAAGAT ACCGTTTTTAA ATCCGCCAGT CTGATTCACT AGCTTTGCAC 3300
 35 CATAACTAGC TGCAGCGACA ACTGAAGGCT CTTCCACCAT CATAGGTACA ACATATGCCT 3360
 TATCGTCCAC AATGATATTC GGTAATAATC CAACGGGTAA TGCACCTTGC GCGATGACAT 3420
 40 TTTCAATTAA ACTATTGGCT ACTTCTTCAT CGATTAATGG ATGATTCACT AAAATGTGCA 3480
 ATTGTTCTTC TGATAACCAT TGCTTATCAA CCAATTGTTG TAACTTTTCT TTACGAGATA 3540
 AATGTCGAAA ATTCTTATCT AAATTTTGCA TGGACGTACT CCTTTTACTT CACATAATTT 3600
 45 TTAACATTTT AATCACTACT ATTTTTACCA CAAAATAACG TCATTCTGCT TAAAATTCAA 3660
 TTGAATAATT GTCGTTTTGA CTTTAAAATA AAACAAGGTA AATTAAAACG CTTACAAGAA 3720
 ACGACAAATC ATTTTTAAAT TTAGTATATT TCTTTGTATA AAATTAGCAT ATTCTGATAT 3780
 50 GATACAAGTG TTGCTTTTAT AAATTTGAAA GGATGTAAAA CCTTATGACA ATAGGTATCG 3840
 ATAAAATAAA CTTTACGTT CCAAAGTACT ATGTAGACAT GGCTAAATTA GCAGAAGCAC 3900

55

	CTGTAAACCA AGACATCGTT TCAATGGGCG CTAACGCTGC TAAGGACATT ATAACAGACG	4020
5	AAGACAAAAA GAAAATTGGT ATGGTAATTG TGGCAACTGA ATCAGCAGTT GATGCTGCTA	4080
	AAGCAGCCGC TGTTCAAATT CACAACTTAT TAGGTATTCA ACCTTTTGCA CGCTGCTTTG	4140
	AAATGAAAGA AGCTTGTTAT GCTGCAACAC CAGCAATTCA ATTAGCTAAA GATTATTAG	4200
10	CAACTAGACC GAATGAAAAA GTATTAGTTA TTGCTACAGA TACAGCACGT TATGGATTGA	4260
	ATTCAGGCGG CGAGCCAACA CAAGGTGcTG GCGCAGTTGC GATGGTTATT GCACATAATC	4320
	CAAGCATTTT GGCATTAAAT GAAGATGCTG TTGCTTACAC TGAAGACGTT TATGATTCT	4380
15	GGCGTCCAAC TGGACATAAA TATCCATTAG TTGATGGTGC ATTATCTAAA GATGCTTATA	4440
	TCCGCTCATT CCAACAAAGC TGGAATGAAT ACGCAAAACG TCAAGGTAAG TCGCTAGCTG	4500
	ACTTCGCATC TCTATGCTTC CATGTTCCAT TTACAAAAAT GGGTAAAAAG GCATTAGAGT	4560
20	CAATCATTGA TAACGCTGAT GAAACAACCTC AAGAGCGTTT ACGTTCAGGA TATGAAGATG	4620
	CTGTAGATTA TAACCGTTAT GTCGGTAATA TTTATACTGG ATCATTATAT TTAAGCCTAA	4680
	TATCATTACT TGAAAATCGA GATTTACAAG CTGGTGAAAC AATCGGTTTA TTCAGTTATG	4740
25	GCTCAGGTTT AGTTGGTGAA TTTTATAGTG CGACATTAGT TGAAGGCTAC AAAGATCATT	4800
	TAGATCAAGC TGCACATAAA GCATTATTAA ATAACCGTAC TGAAGTATCT GTTGATGCAT	4860
30	ATGAAACATT CTTCAAACGT TTTGATGACG TTGAATTTGA CGAAGAACAA GATGCTGTTT	4920
	ATGAAGATCG TCATATTTTC TACTTATCAA ATATTGAAAA TAACGTTTCG GAATATCACA	4980
	GACCAGAGTA GTCGGTGTAT TTAAACACA TATAATAAAA CCTAAAAGCA GCAGTAAGAC	5040
35	CACTTCTAAT TGAAATCGTC TTAGTGCTGT TCTCTATTTA TAACACTTCG TATTGAATGA	5100
	ATTCATTATG CCTATTTGAC ACATTATTGA AGTTTTCTTA ATGCCTGGAT CCTTTATACG	5160
	TTACGGCTTC GTGCTATGTT TTGGTACATA AAGCTTTGAC ATATCGATAT TCTCCAACCT	5220
40	TAACAGCTTA ATTTTATTAT TAATCGTTCC ACCGAACCCT GTTAAGCTAC CCGTTTTACC	5280
	GACAACACGA TGACATGGCA CGATAATAGA TAATGGATTA CTTCCGACTG CACCTCCAAC	5340
	CGCTTGGGCT GACATTTTTG GCTTGTTAAG CAGCTTGCCT ACTTTTTTGG CAATAGCACC	5400
45	ATACGTTGTT AGAGTCCCAT AAGGAACCTG TCTTAATTCA TTCCAAACAC ACTGTTGAAA	5460
	ATGACTACCT GTTGGCTTTA AAGGTATTGT GATTTACAGGA TTGTCACCTT TAAAATACGC	5520
	GTCTAACCAC TGTGTCGCCT CTCTAAATAT CGCTAAAGAC GTATTTTCTT CCCTAGTACC	5580
50	ATCACCTTGT TGATTTTCAA ACAAACAGC GGTACAGCTT ACCCCATCAC TCAAAAGTTC	5640
	CAATCGTCCT ACAGGCGAAT CATAGTAACT CTTATACTCC ATAAAAATTC CCCCTTTTTT	5700
55		

	ATAAGTCGTC AATTACGTAT ATAAACACGT AATACCAGCT ATCACTTTGC TGCAATATAC	5820
5	AGTTACATAT CTTACTACAC GTGCTAACCT CTTACTTTGT AAACCAAATC TTAAATTAAA	5880
	ATATTGAAAA TGCAATGAAT CCTTAATATT TTATTAAACC TATAATTACT TATTAATAAT	5940
	AACACACAAT ATTCATAAAG TTTTAAAAAT ATTCTGTTTT ATCACCTACT ATTAGTGGAA	6000
10	AAGTACAATT GCAATTGTAT ATAGTTTGCA TAACGCTTCA AAAGTAATTT CTTTTTTGTT	6060
	TAGTTCAAAA AAATTTAGAG GTGATGTTAT ATGAATAACG GTTTTTTCAA TAGCGACTTT	6120
	GATTCAATTT TTCGAAGAAT GATGAAAGAT ATGCAAGGTT CAAATCAAGT CGGAAACAAA	6180
15	AAGTACTATA TTAATGGTAA AGAAGTTTCA CCTGAAGAAC TAGCGCAACT CACACAACAA	6240
	GGTGGCAATC ACTCTGCTGA ACAAAGTGCG CAAGcTTTTT AACAAGCAGC ACAAAGACAA	6300
	CAAGGGCAAC AAGGTGGCAA CGGCAATTAT TTAGAACAAA TTGGTCGTAA CCTTACGCAA	6360
20	GAAGCACGTG ACGGTTTATT AGATCCAGTC ATTGGTCGTG ATAAAGAAAT TCAAGAACT	6420
	GCTGAAGTTT TAAGTAGACG AACTAAAAAC AATCCTATAT TAGTTGGAGA AGCTGGTGTT	6480
	GGTAAACTG CGATTGTTGA AGGTTTAGCA CAGGCAATCG TTGAAGGAAA TGTACCAGCA	6540
25	GCAATCAAAG ACAAAGAAAT TATTCTGTGA GACATTTTCAT CATTAGAAGC TGAACGCAA	6600
	TATCGTGGTG CTTTGAAGA AAATATTCAA AAATTAATCG AAGGTGTTAA ATCTTCACAA	6660
	AATGCCGTAC TATTCTTTGA TGAAATCCAT CAAATTATCG GTTCAGGTGC CACAGGAAGT	6720
30	GATTCAGGTA GCAAAGGGTT ATCTGATATT TTGAAACCTG CATTAAAGTCG TGGTGAGATT	6780
	TCTATTATTG GTGCAACAAC ACAAGATGAA TATCGAAACA ATATTCTTAA AGATGCTGCA	6840
35	TTAACGCGCA GATTTAATGA AGTGCTTGTT AATGAACCAA GCGCTAAAGA TACTGTTGAA	6900
	ATTTTAAAG GTATTCGCGA AAAATTCGAA GAACACCATC AAGTAAATT ACCAGATGAC	6960
	GTATTAAAG CATGTGTTGA CTTATCAATT CAATATATTC CACAACGATT ATTACCAGAT	7020
40	AAAGCAATCG ATGTGTTAGA TATTACAGCA GCACATTTAT CTGCGCAAAG TCCAGCTGTC	7080
	GATAAAGTTG AAAC TGAAAA ACGAATTTCT GAATTAGAAA ATGATAAACG TAAAGCAGTA	7140
	AGTGCTGAAG AATATAAAAA AGCTGACGAC ATTCAAAATG AAATCAAATC ATTACAAGAT	7200
45	AAATTAGAAA ATAGTAATGG TGAACATACT GCTGTTGCTA CAGTTCATGA TATTTAGAT	7260
	ACTATTCAAC GATTAAGTGG TATTCCAGTT TCTCAAATGG ATGATAACGA TATTGAACGT	7320
	TTAAAAATA TTTCTAATCG TTTAAGAAGT AAAATCATAG GTCAAGATCA AGCTGTAGAA	7380
50	ATGGTTTCAC GTGCAATTCG CCGTAATCGT GCTGGGTTTG ATGACGGCAA CCGTCCAATT	7440
	GGCAGTTTCC TATTTGTTGG CCCTACTGGT GTTGGTAAAA CAGAGCTTGC TAAACAATTA	7500
55		

	GACACAACAG	CTGTTTCAAA	AATGATTGGT	ACAACTGCTG	GTTATGTTGG	TTATGATGAC	7620
	AATTCAAATA	CGTTAACTGA	AAAAGTACGC	CGTAATCCAT	ACTCAGTCAT	TCTATTTGAT	7680
5	GAAATCGAAA	AAGCAAATCC	ACAAATTTTA	ACATTGTTAT	TACAAGTAAT	GGATGATGGT	7740
	AATTTGACTG	ATGGTCAAGG	TAATGTCATC	AACTTTAAAA	ATACAATTAT	TATTTGTACA	7800
	TCAAATGCTG	GCTTTGGCAA	TGGCAATGAC	GCTGAAGAAA	AAGATATTAT	GCACGAAATG	7860
10	AAAAAATTCT	TCCGCCCTGA	ATTCCTTAAC	CGCTTCAACG	GCATCGTTGA	ATTCTTACAT	7920
	TTAGATAAAG	ATGCATTGCA	AGATATCGTC	AACTTATTAT	TAGACGATGT	ACAAGTTACA	7980
	TTAGACAAAA	AAGGTATTAC	GATGGACGTT	TCTCAAGATG	CGAAAGATTG	GTTAATTGAA	8040
15	GAAGGCTATG	ATGAAGAATT	AGGTGCACGT	CCATTAAGAC	GTATTGTTGA	ACAGCAAGTA	8100
	CGTGACAAAA	TTACAGATTA	CTATTTAGAT	CATACAGACG	TTAAACATGT	GGATATAGAT	8160
20	GTTGAGGATA	ACGAATTAGT	CGTAAAAGGT	AAATAACGAC	ACTTTAACAT	ATCGCGCATC	8220
	AAAAATGAGC	ATCAGGTCGC	CCTTGCCTGT	GCTCATTTTT	TTAATTATTT	CCCTGGAAAA	8280
	TGATTGCTG	TGTGCTGTT	TGTTCCACAA	CAATCAGCAT	TAATGTCACA	TGTACCACAT	8340
25	TTTCCTTGTT	TTGAACGCTT	GAAAAATTTT	ACTAGTGTAT	ATAAGGCATA	TCCGAAAATT	8400
	GCTAAAAAAA	TTAAAATGTT	AATAATGACT	GACACTTTAA	CCACTCCTTA	AACAAATAAA	8460
	TGTCCGACTT	GATAAAAAAT	GAATGTTAAG	ACATATGCAG	TGACTAGAGG	ATAGGCAACT	8520
30	GCAAGTGCCG	TCCATTTCCA	TGAATAAGTC	TCTTTACGGA	TTGCTGCTAC	TGTAGAAACA	8580
	CAAGGAATAT	ACAATAGTAT	AAATATCATA	AATGCATACG	CAGATAGCGG	TGTGAATTGA	8640
35	TTTTGAATCA	CATTAACAAG	GCCTGCATCA	CCTGATGAAT	AGATAATCGC	CATCGAACTT	8700
	ACGATAACTT	CTTTTGCTAA	AAATCCTGGC	ACTAACGTAG	CACCTGCTTG	CCATGTTCCA	8760
	AATCCGAGCG	GTTGCACTAA	CATACCAAAG	AACTACCAA	CCATATGTAA	AAAACCTTGA	8820
40	TTGATATTCA	CATTGATACC	ATGTGGTCCT	ACATAACTTA	ATAGCCAAAT	GACTACTGAG	8880
	CCGCCAAAAA	TAAATGTACC	TGCTTTACGA	ACAAAGCCCT	TAGCCTTTTC	CCAAGTACTA	8940
	CGCCACAACG	TTTAAATGGA	AGGCACACGG	TATGTTGGCA	ATTCCACAAT	AAAGATTGCA	9000
45	TTATCATTTT	TTAAAATCGT	CTTAGTAAGT	ACTGTACTGA	CTAAAAATGC	CATAATAATA	9060
	CCTAAAACAT	ACAGGCTTAA	TACTACTAAA	GATTGATTCT	CTTTGAAAAA	GATACCTACG	9120
	AACAACGCAT	AACTGGCAG	TCTAGCAGAG	CATGACATGA	ATGGTGCAAT	TAATATCGTT	9180
50	GTAAACGCT	CTTTTTCATT	TTCAATACTG	CGCGCAGCCA	TAATACTCGG	TACATTACAA	9240
	CCAAATCCGA	TAATCATTGG	TATAAAAGAC	TTCCCGCTTA	AACCGAACGA	TTCCATAATA	9300
55							

	AAAAAGAGCA CAACAATTTG TGGTACAAAG ACTAATACTG ATCCTACACC AGCAATAATG	9420
	CCATCTGTAA TTAAATCTTG TAAAAATGGT ATAACACCAA GATAATTCAT AATCGTCTTC	9480
5	ACACTATCTG TAAATGTACC ACCTATAAAT GCATCGAGTT GATCCGACAA AGGTGTGCCA	9540
	ATCCATGTAA ATGTAGTTTG AAAGATCAAC CACATAATTG CTAGAAAGAT AGGCATCCCT	9600
	ATATATTTAT GTGTTAATAT CTTGTCTATT CTAGAGCTGA AATATTGCTT ATCTTCATCT	9660
10	GGATACGTTA CCACGTCTTG CAATAACGTC TCAATATAAT GATTGCGTAT ACGCTCCATC	9720
	TCTCGACGAA CAGATACAGC CCCTACTTGT TCAGCAACTT GATCACGTAA ACTCGACAAT	9780
	TTATTTACAA CCTCTGAATT AAGTTCGTTT GCAATTTGCA TGTTATTTAA TAAGAATTGA	9840
15	ATCGCAATAA ACCTAGCTTG ATACTTATCA TGAGATGTCT CTGTCATTAT TATTTGACAC	9900
	ATATTTTTAA TTGTCTCTTC AATCTTCTCA CCATAATTGA TTTTAAAATG CGGTTGATAC	9960
20	CCTTCCCCTA GATGCTTTAT TTCGCCAAGT AAATATTTTG TTCCTTTGCC TGTACGTGCC	10020
	ACAACTGGAA AAATAGGTGT TTTAACTTT TTCATCAATT TATGATAATC GATTTTTATC	10080
	CCGCGCTTTG TAGCTACATC AATCATATTT AATCCGATGT ATATTGGTTG ATTAAGTTCT	10140
25	AACAATTGTA CTGTTAATTG CATATTTCTT TTTAGTTGAC TCGCATCAAC AATGTTAATG	10200
	ATTCCTGAAA ATGAATCGTT TAATAAATAG TCTGTCACTA CAGTTTCATC TTTAGAAATC	10260
	GGCGATAAAT CATATGTACC TGGTAAATCA ATTAATTGTC CTACATTTTC TTTAAGTTTC	10320
30	CCTACTTTTT TCTCTACCGT TACGCCACTC CAGTTGCCTA TATATTCATA CGAACCAGTT	10380
	AAAGCGTTAA ACAAAGATGT TTTACCAACA TTAGGATTTC CTAAAATACA ATAATTTTCC	10440
	ATTCGTCCGG CTCCTATTCT TCTAATGCAA TAGAACAAGC ATCGCAATGT CTAATACTTA	10500
35	ACTGTTGTCC GTTTACTTCA ATAATACATG GCCCTTTAAA TAAACATTTT TGTTTAATCG	10560
	TTATGATAGC GTCATCTGTT AACCCAAAGG CACTTAGACG ATACAACATA TTCTCATTAG	10620
40	CAATATCCAT TCGCTTTATT TTATAAGCCT TATTCATTTC ACCATTTTTA ATGTTTAACA	10680
	TACTATTTTCG CTCTCCTATT AGAAATAATA ATCATTATCA CTTAAAAATC ATAACCCTTA	10740
	AAATTGTAGC TCGCAATACT TTATTTAAAT AATTTTCATT TTTTCATGTAA AATTTGTGAC	10800
45	ATTGCAAAAA TGT	10813

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 365:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 6804 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 365:

	TGATGGATT	GCAGACATT	TACGAGCGAA	TGGTTTCAA	GTGTTTGGTC	CAATAAGCA	60
5	AGCAGCTCAA	ATCGAAGGCT	CAAAATTATT	TGCTAAAAAG	ATAATGGAAA	AATATAATAT	120
	TCCAAC TGCT	GATTATAAAG	AAGTTGAGCG	AAAAAAGGAT	GCTTTAACAT	ATATTGAAAA	180
	CTGTGAATTG	CCCGTTGTTG	TCAAGAAAGA	TGGGTTAGCT	GCTGGGAAAG	GCGTTATTAT	240
10	TGCAGATACT	ATTGAAGCAG	CCAGAAGTGC	TATTGAGATT	ATGTATGGTG	ATGAAGAAGA	300
	AGGTACTGTT	GTATTTGAAA	CGTTTTTAGA	AGGTGAAGAG	TTCTCGCTAA	TGACATTTGT	360
	TAATGGTGAT	TTAGCAGTAC	CTTTCGACTG	TATTGCACAA	GATCATAAAC	GCGCATTTGA	420
15	TCATGATGAA	GGACCAAATA	CTGGTGGTAT	GGGGGCTTAT	TGTCCmgTAC	CACATATTAG	480
	TGACGATGTT	TTAAmACTTA	CAAATGAAAC	AATTGCACA _w	CCCATTGCAA	AGGCAATGCT	540
20	TAATGAAGGT	TATCAATTCT	TCGGTGTATT	ATACATTGGT	GCTATTTTAA	CTAAAGATGG	600
	TCCAAAAGTA	ATAGAATTTA	ATGCCCGTTT	TGGTGATCCT	GAAGCTCAAG	TATTATTAAG	660
	TCGCATGGAA	AGTGATTTAA	TGCAGCATAT	TATTGATTTA	GATGAAGGAA	AACGTACTGA	720
25	ATTCAAATGG	AAAAATGAAT	CTATTGTAGG	GGTCATGTTG	GCATCAAAAG	GATATCCTGA	780
	TGCATATGAA	AAAGGGCATA	AAGTAAGTGG	CTTTGATTTA	AATGAAACT	ATTTTGT TAG	840
	TGGATTAAAG	AAGCAAGGTG	ATACCTTTGT	TACTTcAGGT	GGTAGAGTTA	TACTTGCCAT	900
30	CGGAAAAGGT	GACAATGTAC	AAGATGCACA	GCGAGACGCA	TACAAAAAAG	TATCACAAAT	960
	ACAAAGTGAC	CATTTATTCT	ATCGTCATGA	CATTGCGAAT	AAAGCACTAC	AACTTAAATA	1020
	AGTAAATTTA	AAATACTAAG	aTTAGCTATG	AACGAATCTA	TAACGATAGA	TTTTTTT CATA	1080
35	GCTTTTTTAG	TTGTAGAGTC	TAGGACATTG	ATTTCTGTAC	CAAATTTGTG	ATTATGCATA	1140
	TGTAATACAA	AAGAGGCGCC	ACAACATGTT	TGGATGAACA	AAATAACATG	TTTGTGGCAC	1200
40	CTCTTTTGTT	TAGTATGGAA	TAAATGGTTT	TCTTTTCTTA	TACAATGAAT	TTCTAATTTA	1260
	GTATCTATAC	AATTATGGAT	AAAATTTAAC	CTACACGACC	AAGACGAACA	TCATCTATGC	1320
	CCGTGATGGG	TAAGGTGATT	GAACAATAAT	ATGCCATAGT	AATAATGGCA	ATTAAACTTA	1380
45	TAATAAAGAT	TATATCTTTA	TATGAGAAAG	GTACGTTGTA	ATAGTAAGTA	CGAGGACCAT	1440
	CTCTAAATCC	TTTCGACTCC	ATCGCAACTG	ATAATTGATG	TGCCTTTCTA	ATATTTTGGC	1500
	TTAATAGAGG	TATAATTAAA	TGCTTAAATC	GCTTTAACCC	TCTATAATTT	GCCGCGTCTA	1560
50	TCATCTGATA	GCGCATTTTT	AAAGATCTGC	GAAgcTGTA _t	TAAAGAACTA	ATCATTAAAG	1620
	GTATCATACG	AATGGCAGCC	ATGAATGCAT	AAGCAACTTT	TGATTTAAACC	TTTAAATGTT	1680

	ATGAAATAGC AATGGTTCTT AATGATACAT GTAAACCACG AACTAAACTT TCTGTTGTAA	1800
	TATGGATAAA TCCGAATTC AAAATTGTAT GGCTACCATT CCCGTATAAA ATCATGAACA	1860
5	GGAAGAGAG TAATGCAAAG CCAATACTTA TAGTTATAAA AATTGCTGTA ATTTTAACT	1920
	GAGTACCATT AAACATCAAT AAGAAAATA ACATTAAGAT AGTGATATAA AGCATAAAAT	1980
	CGAAATTATG CACAAATATA ATAAAGAAAA ATAGTATAAT TCCAAGAAAT AGTTTCGTTA	2040
10	TAATGTTGAC ATCATCAACA AATGATTGCC GAACTTTCCA TTGCTCATAC ATTCGTATCA	2100
	CCATCACAAT CTAGTAACGC ACCATCTGAA ATTTTAAGTC TTCTTGATGG ATAACGTTCA	2160
	ATTATTTTCAT CGTCATGTGT AaCCATGACA ATACTTTGTC CCAAATTAAT TCGCTTTTGG	2220
15	AAAAGTTTGA TCAACTGGAA TGTATTATGG CTATCAAGTC CAAATGTCGG TTCATCTAAA	2280
	AAGATAATAT CAGCTTTAGA ACTTAGTGCG GTAgcTACGC TAAGGCGTCG TTTTGGACCA	2340
20	ATAGACAACT CATAAGGATG TTGATCTTTT ACATTTTGTGTA AATCTAAAAG TTTTAAAAGT	2400
	TGTATCGTTT CATCATCACT TTGATCTTTA GAAAGGTGAT TAAAATGAAT GTTAATTTCA	2460
	TCATAAACCG AATTTGTTAT AAATTGTAAT TCTGGGTTTT GATAAACTAG GTACATGTGT	2520
25	TTTGCTGCAT GTTTAATTTT TGTTAAACGC TGATTTTCAA AATAAACATC ACCTTGATAT	2580
	TTAATCAATT GCATAATTGA TTCAAGCAAG GTTGTTTTAC CACTACCATT TGCCCCGTGA	2640
	ATTGTAATCC ACTCACCTAG ACCAATTTCT AAATCTGAGA ATGAGAGCAA TGTTGATTTA	2700
30	CCGCGAATAA TACGTCCATT TTAAATTGT AATAAGTGTG AGTTTGTGTG TGGAAAGTCA	2760
	ACACGACTTG GTGCGAATTC CCATGCACGT GGATGCCACA CACCATATTC ACTGAGTAAA	2820
	TGAACATACT TCTGTAATAT GATTTAGGA CATTTCATCGG CAATGATATT TCCGTTATAA	2880
35	TCCATCAAAA TGACGCGGTC GACATGATTC CAGATGTGTT TAACTTTATG TTCAACGATT	2940
	ACAACCGTTT GATCTTCCCA AAGTTCAATT AGTTTAGTCC ATAAATCTTC TGTTGCTTGA	3000
40	ACATCTAACA TTGCTGTCGG TTCATCTAAA AACAATGTTT TTGATTGTTG AAGAATGGTT	3060
	TCAACAATTG CCAATTTCTG TTTCATCCCG CCACTTAAAT CTTTGATATA CGTTTCAGGG	3120
	GTAACATTTA AATTGACCAT ATTTAAAGCA TTGATAATTA ACGCATCCAT GTCTTCACGT	3180
45	GGTAATTGTC TATTTTCTAA AACGAATGCA AGTTCTTCGT ATACTTTTGG CATAAAAAC	3240
	TGGCTATCAG GGTCTTGGA AATAACGCCA CTTAATGGGT CAACGATTAG TTCATCATAT	3300
	TTCATAGGTA ATTCAATTAA ATTAGGAACA ATACCACTTA ATACATTCAG AAGTGACTT	3360
50	TTACCGCAAC CAGAAGGACC GAGTAAAGT ACTTTTTCTT TGTCTTGAAT AGTGATATTT	3420
	AAATGATCGA AAATTTTACG TTGACCACTT GGATATTTTA ATCGTAAATC ACTTACTTTT	3480

55

ATTTTGTTAC GCCTGTCTTA TCTAAAGCTT TTAATAAAAG GTAAGATAGG ACGCCGGCGA 3600
 CTAAGTGCACC ACTAATTAAT CTAAATACGA TGAATAATGT TAAGTTCCAA CCTGCAACTT 3660
 5 CATTTAATA ACCATAGAAA TAATCTATCG GGAAAGCCGC GATTGCTGTA CAAAAACCTG 3720
 CTAACATAGC TACCATAACT GAACGTGATT GATATTTAAA AATTGCAAAG ACAAGTTCAC 3780
 ACGCTAAACC TTGTATAAAA GCGTAAACGA TTGTCGGAAT ATCGAAACGA CCCATAATGA 3840
 10 TAGTTTCGCC GGCACCTGCA GCAAATTCAG CCAGTAAAGC AATACCTGGT TTTGGAATAA 3900
 TTAGATAGCA GACAATCGCT GCCATGAACC AAACCCCGTT TGTTAATTGT TCGAGGTGAA 3960
 GGCTGTAGC TTGCACACCA TTGTAAACAA ACCACCATAA ATTGTAAATA ACTGCGAATA 4020
 15 CTAAGTAAAT AAGTACGGT ACTAGTATTT CAGATAGCTT TAAACCTTTT GACATTTTTTA 4080
 CATCCTCCTA ATAAAAAAC GCACAACCAT CCATAGGAAA GTTATGCGTT CACAATATAT 4140
 20 ATTAGTAAAA CATATGTATA GTAACACTTT CCTACGCTAG TTCAAGCTAG ATCAGGTTCA 4200
 AAGGGTTTGA GGGCAAGCCT CATCTCAGTA TAAACACCC CTAGTGTGTG CGATTTATTT 4260
 AATTAATTAT ACTGTAAGAC GTTTGTAAAC TTATGTCAAT AGGTTGTCTT CATGAAATTT 4320
 25 CGTTTAATTC GATTTAAAT TTATAATATT AGCATTGGAT TTAAATTGAA GATGTAGTAG 4380
 GAATGTTAGT AATTAAAGAT ATAAAAATAT GTGACATGTA ATAATATTGA GCTGATAAAT 4440
 GAAGAGGGAT ACTTATCAAT CATACCTCTT TAACAACAGT GAAGAACCCG TGCATAATGG 4500
 30 CTTACGAATT ATAGTTTATA AGGAAGAAGA GGGATACATG CGCCGAGCAC ATGCATAAAA 4560
 GCCCCTAACA ACTAAAAGTT GTAAGGAAGG AGAGGGATAC ATGCGCCGAG CACATGCATA 4620
 AAATCCCCTA ACAACTAAAA GTTGTAAAGG GATTTAAATT AATTTAGTGT ATCTTGATA 4680
 35 TCTTGTTTG kTTGaTTAAT ATCTTCTGTT TTTTCTCTT TTTTATCTT TAATTTTTCT 4740
 TCAACTTCTT TAGCTTTTTC TGCTGCTTTT TTATTTTGAT TTTCATTAGA CATGATTAAT 4800
 TCCTCCCAA TTGGATAATT ATTTATATAT AAATCTTACC CGGTTGTACT TTCGTTAAAC 4860
 40 TTTTCTAAGT CTATAGCACT ATTTATTCAT TTATCTAAAG ACAACAACAT TAGATTAATA 4920
 TATAATGATT TTGAGGTGAA CATAATGTCT TTTCTTAGGA AACACGCCGA AATTATTTTT 4980
 45 AGCTATTTAA TCGGTmWCGT TcACTCTTCA CTGGkcTCAT TATTTTAATT AACTTGCCAT 5040
 TAATTAAACA ATTAAATGGT GGTA AAAAAG TTGATACACA TGTTCAATAT GTGTGGGAAT 5100
 TTCTGAATGC ATTTTTCAGT GAAATTATTA AAGTAATGAG TCGATTTATA GGTAATTTCC 5160
 50 CtATAGTTAG TGCAATTGTG ATAATTATAT TCGGTATTTT AGTTATGTTG ATTGGTCATA 5220
 CATTACTTAG AACTATTAAG TATGACTATG ATATTTCTAT CTTTTTCTTA GTTATCGGTA 5280

55

TTTTCATTAT TCCATTTACA ATTCATATAG GATATATCGT CTATAAAGAT GAATTGAATC 5400
 AGGAAAATGT AAAAAATCAT TTCATGTGGA TAATTGTGAG TTATGGTATA AGTTACTTAA 5460
 5 TTACACAAAT TGCATTGTAT GGCAGAATTG ATGCTAATGA AATAGAGTCA ATTGATATCT 5520
 TAAGTGTCAA TGCTTTCTTT ATAATTATGT GGTACTTGG TCAAATGGCT ATTTGGAATT 5580
 TCTTGTCTTT GCGCCGAGCT TTACCTTTAA CAAAGCAAGA ATTAGGTGAA GAGGAGCCAG 5640
 10 AATTATCAAG AACAAGTAAA GGAATGTCA CGAATCAAAC TAAAATTCAC TTGAAACAAC 5700
 TCCAAGATAA GACTACAGAA TATGCACGTA AGACAAGAAG AAGTGTCGAT TTAGATAAAA 5760
 TTAGAGCTAA AAGAGATAAA TTCAAAAAGA AAGTTAATGA TATTATCGAT ATTCAAGAAG 5820
 15 ACGATATTCC TGATTGGATG AGAAAACCGA AATGGGTAA ACCAATGTAT GTCGAACTAT 5880
 TTTGTGGTGT CGTCATCTTT TTATTCACAT TTTTGAATT TAATAATCGT AATGCATTAT 5940
 20 TTGTATCTGG TGATTGAAA TTATCACAGA CACAATATGT TATTGAATGG GTTACATTAT 6000
 TAATTCTGTT ATTCATTATT ATCGCATATA TCGCTACAAC GTTAACTTTC CACTTGAAAG 6060
 GTAAGTTTAA TTATTACAA TTATTTATGG GGAGCATTTT ATTCTTTAAA TTGTTAACGG 6120
 25 AATTATATAA TATAATGATT CATGGACTAT TACTTTCAGT GTTCATTACG CCAACATTAC 6180
 TATTAATGTT ATTGGCAATC ATCATTTCTT ATTCGTTACA ATTACGAGAG CGACCATAAT 6240
 TAAAAGCATT ATAAAAGTAC TATCTATTAA ACATTTTGAT GTGTACGCTA TAAGTTAGAT 6300
 30 ATATCTCTAA CTTACTTAGA TACAGGTCAA TGAAGTTTAT GGATAGTACT TTTTTTGTA 6360
 CTAGATTTGA TTGATTCAGG TGATGTGAAT TAAGTATTGA TAATTGTATA CAAAGTTTTA 6420
 GTGCAAATAA AATAGTTGAA AAGTTATCCA TTTGTAAAAT CAAGAAACT AGTAAATAGT 6480
 35 TGAAGCGACT TATGGaATTT GCGAAACGAT ATATAGTATT TCCTTTGTAG AAATTTmACA 6540
 TATATCATTC AAATTACTAA TTTGTTAAAA TCAACAGTAA GATTAGAAGT AGATGATATT 6600
 GAAATTTGGC AAACAaTtTA ATCTATATAA AACTACAACG AAACACAGAA AGGAAGTTGT 6660
 40 CAGATGAAAA TAGCAACTCT GAACAAAGGC AAAGAAACAA AATATTTTAA TGGATATCCT 6720
 TTAATTGAAG AAGAGGATAT CTATTCACAA GATCATTTAA AAGAAGGAGA TATTTTTCAA 6780
 45 ATTGTGACTG ATAAATCACA ATAT 6804

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 366:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1717 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 366:

	aaaAGAGACG CATTaAAACA AGCTATACAA ATTATCGATA AATTAACATG GGGTGTtTAG	60
5	TGGTGGTTAA AGAAATTTTG AGACTATTAT TCTTACTAGC GATGTATGAG CTAGGTAAGT	120
	ATGTAActGA GCAAGTATAT ATTATGATGA CGGCTAATGA TGATGTAGAG GCGCCAAGTG	180
	ACTTTGAAAA AATCAGAGCT GAAGTTTCAT GGTAATAGCT ATTATCATTt TTGAATTAA	240
10	TATATTAATG TGTGTAGCAA TAGCACTGGA GGTGTTGTAA ATATGTGGAT TGTCATTtTCA	300
	ATTGTTTTAT CTATATnTTT ATTGATCTTG TTAAGTAGCA TTTCTCATAA GATGAAAACC	360
	ATAGAAGCAT TGGAGTATAT GAATGCTTAT CTTTTCAAGC AGTTAGTAAA AAATAATGGT	420
15	GTTGAAGGTT TAGAAGATTA TGAAAATGAA GTTGAACGAA TTAGAAAAAG ATTCAAAAGC	480
	TAAAGAGAGG CGTTGGCTTC TCTGCTCTAT CyAAAATAAT GAAAGGAGCC saACATGTTA	540
20	GaCmaAGtCA CTCAAATAGA AACAAATAAA TATGATCGTG ATGTCTCATA TTCTTATGCT	600
	GCTAGTCGTT TATCTACACA TTGGACTAAT CACAATATGG CTTGGTCTGA CTTTATGCAG	660
	AAGCTAGCAC AAACAGTTAG AACTAAAGAA GATTTAActG AGTACAATAA AATGTCTAAG	720
25	TCTGAACAAG CCGATATAAA AGATGTTGGC GGATTtGTCG GTGGATATTT AAAAGAAGGC	780
	AAACGGCGTG CTGGTCAAGT CATGAATCGT TCAATGCTAA CACTTGATAT CGATTATGCA	840
	GCCCAAGATA TGACTGACAT ATTATCTATG TTTTATGATT TTGCATATG TTTATATTCA	900
30	ACACATAAGC ATAGAGAGAT AAGTCCAAGA CTGCGTTTAG TGATTCCTTT AAAACGAAAT	960
	GTAAATGCAG ATGAGTATGA AGCTATTGGG CGTAAAGTCG CAGATATCGT TGGCATGGAT	1020
	TACTTCGATG ATACAACTTA TCAACCACAT AGGTTAATGT ATTGGCCTTC AACTAGTAAC	1080
35	GATGCGGAAT TTTTCTTAC CTATGAAGAT TTACCTTtGT TAGACCCAGA TAAAATATTA	1140
	AATGAATATG TTGATTGGAC TGACACATTA GAATGGCCAA CGTCTTCAAG GGAAGAGAGT	1200
	AAGACTAAAA GATTAGCAGA TAAGCAAGGC GACCCAGAAG AAAAGCCGGG AATTGTTGGT	1260
40	GCATTTTGTA GAGCCTATAC GATAGAAGAA GCTATAGAAA CTTTTATTCC TGATTTATAC	1320
	GAAAAACATT CTAATAACCG TTATACCTAT CATGAAGGTT CAActGCAGG TGGATTGGTG	1380
45	TTATACGAAA ATAACAAGTT TGCCTATtCT CATCATAATA CGGATCCCGT AAGCGGTATG	1440
	CTTGtGAACA GTTTTGATTT AGTACGCATA CACTTATATG GTGCTCAAGA TGAAGAAAct	1500
	AAAACAGATA CTCCGGTTAA TCGACTACCT AGTTATAAAG CAATGCAGCa AAGAGCGCAA	1560
50	AATGATGAGG TTGTtAAAAA GCAATTAATT AATGACAAAA TGTCTGATGC AATGCAGGaT	1620
	TTCGATGAAn GAGAAAATAG CGATGATGCA TGGTCTGAGA CGTtnGAAAT TACTTCGAAA	1680
55		

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 367:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1847 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 367:

AAGATTAGGC ATCAAGACAG GGTCCGCGATT GTTTGAAATC CCACATAGnA ATGATATTTa 60
 CaTTATCAAT CCaAGTATGC GTAAATATCT TAATGTTTCA GTTGCTATTT CTAAGATTGC 120
 ATTGCGTTAT ATTCCACCTG AAGATTTACA CCAATATAGT ATTGACGAAT TTTTATGGA 180
 TGTTACTGAT AGCTATCATA GATTTAGTTC TACAGTACAT GCATTTTGCG AAAGACTTAA 240
 ACGTGAAATT TATGAAGAAA CAGGCATTTA TTGTACTGTG GGCATTGGTT CTAATATGTT 300
 ATTAAGTAAA ATTGCTATGG ATGTTGAAGC GAacATAGTc AAAATGGTAT AGCTGAATGG 360
 CGATATCaAG ATGTACCAAC GAAATTATGG CCAATTcmGC CCcTGCGAGA TTTTGGGGT 420
 ATTAATCGTC GAACAGAAGC CAAATTGAAT AAAAGAGGAA TTTTACTAT AGGAGATTTA 480
 GCGAAATATC CATATAAATT TTAAAAAAA GAGTTCGGTA TTTTAGGTGT TGATATGCAT 540
 CTACATGCGA ATGGGATAGA TCAGAGTAAA GTACGTGAAA AGCACAAGAT CAGCAATCCA 600
 TCGATATGCA AAAGTCAAAT ATTAATGAGA GATTATCATT TTGATGAAGC AAAAGTAGTA 660
 ATGCAAGAGT TAATTGAAGA TGTGCTAGC AGAGTTCGAG CAAGAAAAAA AGTGGCAAGA 720
 ACGATACATT TTGCCTTTGG CTATAGTGAT GAAGGCGGTG TACATAAGCA ATATACTTTG 780
 AAAGATCCAA CAACTTAGA AAAAGATATT TATAAAGTAG TAATGCATTT CGCAGATAAA 840
 TTATGTAATA AACAAGCACT ATATCGTACG CTAAGTATAT CTTTGAGTCA ATTTATTAAT 900
 GAGGATGAGC GACgTTAAGT CTGTTTGAAG ATGAATACCA ACGCAAACGT GACGAATGTC 960
 TAGCTAAAAC GATAGACCAA TTACATTTGA AATACGGCAA AGGTATTGTG TCCAAAGCAG 1020
 TATCGTTTAC AGAAGCAGGT ACAAACACG GCAGATTAGG TTTAATGGCT GGACATAAAA 1080
 TGTAATGACT ATACGGTTTA AGTAATATAT AACTGTGATT CGTATAAAAT AAGTCTCTAA 1140
 AGATAAATAT TTCATATATC ACAATAGATT TTCACAATAA TATCTAAGAA TACATGGAAT 1200
 TTATCAAAAG AGACTTAATA ATTATTGGAT ATAACAATCA AAATCACTCA ATGCTTGCAT 1260
 ACCGCGTTCT CGGTCAGTAG GGTTTTGA ACTAATTTT AAAGCACCGT ATATATCTTC 1320
 GCGTACTTCT AAGATTCTTA AGTTGCTTAT AGATATGTTA TGTAAACTCA GGATATAAGT 1380

TAGTCCACCT AGTTGTTTAG CGGGTAGTGC GTCGCGATAC GATTTAGCTT GGGCAAAAAA 1500
 TGATAACAAT TTTTCAGAAT CATTGCTTTC AATTAGTCTT TCTAAATCTT GAAACTGACT 1560
 TTTTAGCTGT CGAATCATTT CTAAAATATA CGTTTTATTA CTCAAGGTGA TATCTTTCCA 1620
 CATTGTGCGA TTACTIONTAG CTATACGAGT GATATCACGA AAACCACCAG CTGCAAGTTT 1680
 ATTAATAAAA TGATGTTCTT GACCGTTCTT TTGACTAACA TGAATAAAC TAGATGCAAC 1740
 GATATGAGGT AAATGACTTA CGACGCTTGT TACGTAGTCG TGTCTTCAG CAGTAGTTAC 1800
 AATAAATTTA GCAAGAGTAG GTGATAACAG TTCTTTTAAC GTGTTTG 1847

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 368:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 494 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 368:

AACAAAAGGC ATAAGTTCGT GAATTAATGC GTATACAAGG ATAAAGCTTA TAACAGTAGT 60
 AATGTTGCT ATCAAACGAA CAACATATAT TCTATTTTCA GATAGCAATC GATTCACTAA 120
 TCGATAATTT ACGTATACAA GAATTAACAA CAGCACAATA TAAACAATAA TCATATTTGG 180
 CCCCATTTAA TTTTAAATT TGTTTCACA TCATTTTCTA CTTTATTATC ATACTAATTT 240
 TAAAGGCAA GGTGGACATC GGCAACCTCT CGTAAACTAT TTATCAAAAA TAAACGTATC 300
 TCATTGTTAT GATATTTATA AATCAATTCG TTTTATTAA AGTCTTTTTC AACAAAGTTG 360
 TCACTATCTA TTAAATAATC ACGCATGCAT CCTTTAAGA AATCATCTTT ATAACCTGGT 420
 GTGTACCATT TTCCATCCTC TTCAATGACA ATGTTGCCAA TATCAAATTC AAGGACCTTG 480
 CCGTCCTCTG AAGT 494

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 369:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 2518 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 369:

GTCCATATTT CCCGTCCAAC CAACTAAAAA TGGGTAAATC CCTGGATTa AATCTACTTC 60

GATAATTTCT AATGTAGCGA CCATCATTAC GAGATGATTT GATATAAGCA CAGTTTGGAT 180
 GTTGACCAAT ACTATCGCCT TCTTCTTCGA TGATATCTAT TTTAATACCA TCATCAGCTG 240
 5 CAATTTCTAA TGAAGATTGA ATTCGGTTAT CAAATGTTGA ATATCCCATT GCTCCACCCA 300
 CAATAGCGAC ATCTGTACCA TGTCTTGGT GTGTTTGAGC AAATGATTCA TAATAATGTA 360
 TTTCAATATT TTTAGGAATA TCTCCCAATA TTGCGCGTGC TGAATTCCCA ATCTTTACTG 420
 10 CACCAGCCGT ATGAGAACTT GAAGGGCCCA TCATAACTGG TCCGATAATA TCGAAAGCAC 480
 TTTGATAATC ATAGCTCTTT GCCATAATTA AACACTCTCC TTAATATGAT TCTTTTGTGCT 540
 CGGCATTTTA AAGTTGATAT TCATTAAATT AAACCTATTA ATTAGTGTTT CAATAATATA 600
 15 GGCTAAGACA ATGCTGACAA TAATCACTGT TGCATTGTT ACAATTGATG TCACTGCATT 660
 ATTAAAGCCA AACAAATACGA TGGCGCCTGC AATTGGTGTT GCCATACCTT TGACACCTAT 720
 20 TACTAGTCCG CTAAATGTCA CGATACATGC GTTGACGACC CCAATCAGTG CATTTGTACC 780
 ATATAGTTGT ACTGGATATT GCGCTATTAA ATCAATTTGC GTCAATGGCT CAATACAAAC 840
 TGCAAATGCT TTTGACGGTC CACCAATGTT TAATTTTCGG AATAAAATAA GGTTAACAAA 900
 25 TGAGCTACCT GTACATGTTA GTGCTCCAAT AGCCATAGGA ACACCTGTCA GTCCTAATAA 960
 ACTTGTTAAT ACCATTGAAC TTAGCGGTGT CATACCTGTA ACAGGAATCA CTAGTCCTAA 1020
 AATGACCGCT AATGCATATG GATTGTTATC ACCTACCGCA GTGACAGCAC TACCTATTTG 1080
 30 TTTTAATGTT GCTAGCACAC CAGGTGTAAT GATTGATGCA AGTCCGAAAG CAATTGCTGG 1140
 TGCAAATAAG ATCACCACAA TTAAGTCCAA GCCTTCTGGA ACTTCTTTT CAATCCATTT 1200
 AATTAAAAAA GcTACGCCAT AAGCTGCGAT GAATGCTGGT AATAATTTAA AGTCATGTAA 1260
 35 TACTAAACCA ACAATGACCG CAAATACTGG TGCAACGCCT AAGTTTAAGC ACGTTAGAAT 1320
 ACCTACTGcG ATACCGCTTA AACTTCCTGC TAAATCCCA ATATCTTGTA GAAATTTAAT 1380
 ATCAAATACG CCACCAATAG CATAACTTAA GAATGCTTGT GGTAGAAATG TCGACAAGC 1440
 40 TGCACCGGAT AATGCTTGTA GTCCTTGTG ACCGTACGGT GCATACTTTA AAAATAGCGT 1500
 CATGATCACT AAAACCAAGA CTAATGTGCC TACACCTAAC AGAATATCCA TTTCCCAAAA 1560
 45 ACCTCTCTCT ATGTTTATTT TATTTTCAGA CCATAAACAT CGTACACCCT TAAGAAAACG 1620
 TTTTCACTT TTATCTGTTA TCAAATCaaa TATTTAAGTG AAATATTTCA TATTGTGAA 1680
 AGATTTTTTAA AATGGATTGT TTCAAAACT ACTTATGTTG TCGTTAATAT TTAATAATTA 1740
 50 ACTTTTTACT CTATATTTCA AACAGTTGTG TGACAGTTTT TTGATAACTT TTTTACATCT 1800
 GAAAGTAAGT AATATTTCTA AAAACTTTTA ATATTTATAC ACTTTATCTT TCGAGCTATT 1860

55

ACACATATAT TTGCAATAAG ATAATTAAAG TAGGATATTA TTTTLAGTTT TCTGATAGGA 1980
 ATGATGATAG TCTATAGGTT GAATCTTTAC TTTTTTTTAA AGCTAAATTT ACATCAACTT 2040
 5 AACAAATGGTT GGTATACTG AAGATGAAAA TATTTAGTAT AACTTAGTGG AGGCGATAAA 2100
 GGTGCAATTG AGTCATTCCG TTAAAGTTGC AATTTCTATC TATTTAGCAC TTATCTTTAT 2160
 AACGTTCACT TCTTATTTAG TCATTATTTT ATATACGAGT ATGACTGGAC ATGATGTATC 2220
 10 ACATTTCTGT TTAGATAGTC AGCATTCTCA TCATGGATCT CTTACGCAA AACATTGAG 2280
 TCTTCCTGAA ATCTCATTTA AATAGTTTAT CCTCTGTGTT TCAACATTCA TTTCCCATAT 2340
 CGATTCATTT ATCTATCATC TAGACCACTA CATCTTAGAT GATTTTTTTA TTTTCTCATT 2400
 15 TCACTCTTTC TTAAGAGTCG ATATAATGAA TTAAATCATT ATCATACACC GACATATTTT 2460
 ATGTTGTTGG TGTAAAGTTT aaAGGGGTGA GATACTTGGC GAATaATCaT TCAGCTTT 2518

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 370:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 790 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 25 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 370:

30 ATACTACTGG ACCGTCnACC AATTGACAAA ACCTGAAAAC TGGATTTTTA TTGCAGGATT 60
 ACATCGAACC TGGAAGAACA ATCCCCAGGA GTTGATGATA TTCGAGATAT GGCATACAAT 120
 CAAGGTAGTT TAGATAAGAC AATTTATGAA ATTTCTAAAC GCACAGTACT ATTTTAAATA 180
 35 CAGAAAGATA TTACGGTATA TAATAAGACG ATTGACTGTT TAAATTATTA TAACTATAGT 240
 GACGAAAGAA TAAAGGATGA TTAAATGAAT TCACAAGAAT TATTAGCAAT TGCTGTGGAT 300
 GCAATTGACA ATACCCCAGG CGAAGATACG ATTTCTTTAG AAATGAAAGG TATCAGCGAT 360
 40 ATGACAGATT ATTTTGTGTG AACGCACGGA AATAATGAAC GACAAGTTCA AGCGATTGCT 420
 AGAGCGGTGA AAGAAGTAGC CAATGAACAA AATATAGAAG TAAAACGTAT GGAAGGATAC 480
 AATGAAGCGC GTTGATATT AATTGACTTA GCTGATGTTG TGGTACATGT TTTCCATAAA 540
 GACGAAAGAA ATTATTATAA TATTGAAAAG TTATATCAAG ATGCACCATT AGAATCATAT 600
 AGTCAGGTTG CGTATTAATT ATGTCGCAAT ATGCAGAAAT GAGCCTAGTG TACGATCAAT 660
 50 TGACTCAAGA TCAACCATAT GAAAAATGGT TTGAAATTGT AAAAAATCAC TGCAAAGATG 720
 AATCAAATAT TTTAGATATT GGATGCGGTA CTGGTAGTTa ACAGTTCAAT TAGAAGCTTT 780

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 371:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1823 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 371:

ATAGATGAAG GTGCAAAATAT TGAAaTAGGT TATTTACCTG GACGCTTGAA ATGGTTAGTT 60
 GCTGATTTAT TAATAAACA AGGATTAAAA GTAGTTAAGC ACGATATGAC AGGAAGAACG 120
 TTAAAAGATC GTAAATTATT AACAGGTGAC AGTCCTTTAG CTTCAAATGA GTTAGGAAAA 180
 TTAGCAGTTA ATGAAATGTT AAATGCAATA CAAAATAAAT AATTAAATAT TAATTAGAGG 240
 AGCCTCATAT GTAAATGTAT GAGGGCTCTT TTTTGGCA AAATTTAAGT GATACTTGTA 300
 AAATAGAACC TATTATGAGT ATGATTTAAG AAAACGCTTG CAAACTAAT AACCGCAACT 360
 AGCGATATGG AGGAAACATG ATGTCTTATA GCATTGGAAT TGATTATGGA ACTGCTTCAG 420
 GCCGTGTGTT TTTAATTAAT ACAACTAAG GTCAAGTAGT ATCAAAATTT GTGAAACCAT 480
 ATACACATGG TGTCAATTGAG AGTGAATTAA ATGGTTTGAA AATACCACAT ACATATGCAC 540
 TTCAAATAG TAATGATTAT tTAGAAATTA TGGAAGAAGG AATATCATAT ATAGTACGTG 600
 AATCAAAAT AGATCCAGAC AATATAGTAG GTATTGGTAT AGACTTTACT TCATCTACTA 660
 TTATTTTAC TGACGAAAAC CTTAACCCGG TACATAACTT AAAACAATTT AAAACAATC 720
 CACATGCGTA TGTGAAACTT TGGAAACATC ATGGTGCATA TAAAGAGGCA GAGAAATTAT 780
 ATCAAACTGC TATTGAAAAT AATAATAAGT GGTTAGGCCA TTATGGATAT AATGTTAGTA 840
 GTGAATGGAT GATTCCCAA ATAATGGAGG TCATGAATCG AGCACCAGAA ATTATGGAAA 900
 AAACGGCTTA TATTATGGAA GCGGGCGATT GGATTGTAAA TAAATTAAT AATAAAAATG 960
 TACGCTCGAA TTGTGGATTA GGTTCCAAAG CATTTGGGA AGAAGAAACA GGGTTTCATT 1020
 ATGATTTATT TGATAAAATA GACCCCAAAT TATCAAAAGT AATCAAGAT AAAGTATCTG 1080
 CACCGTTGT TAATATTGGT GAAGCAGTAG GGAAGTGA TGATAAAATG GCACAGAAAT 1140
 TAGGATTATC AAAAGAACT ATGGTAAGTC CTTTATTAT TGATGCCCAT GCTAGTTTAT 1200
 TAGGTATTGG GTCTGAAAA GATAAGAAA TGAATATGGT GATGGGAACA AGCACATGCC 1260
 ATCTTATGTT AAATGAAAAG CAACATCAAG TGCCAGGTAT ATCAGGTTCT GTAAAAGGAG 1320
 CAATTATCC AGAATTATT GCTTATGAAG CGGGGCAATC AGCAGTAGGT GATTGTTTG 1380

CTGTATTTGA ATTAATGAAT GAAAAGATAA AACATCAAAT GCCAGGTGAA AGTGGGCTCA 1500
 TTGCTCTTGA TTGGCATAAT GGAAATCGAA GTGTATTAAG TGATAGCAAT TTAACAGGTT 1560
 5 GTATCTTTGG ATTAACCTTA CAAACTAAGC ATGAGGaTAT TTATAGAGCm TATTTaGaAG 1620
 CTACaGCATT TGGTACtAAG ATGATTATGC mACAGTATCA AGATTGGCAT ATGGaAGTAG 1680
 aAAAGGtATT TGCaTGtGGc gGTaACcTA AAAAGAATGC TGTTATGATG GATATCTATG 1740
 10 CGAATGTACT GAATAAAAAA CTAATTGTTA TGGATAGTGA GTATGCACCA GCAATAGGCG 1800
 CAGCAATATT AGGTGCAGTC AGT 1823

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 372:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1600 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 372:

25 ACGATCATCT GCATCAGCGA ATTCCGATGc AaTTcATATG tCctAATAAC AAAAGAATAG 60
 GTTTTaaAG ATATGCATAC CGTAATGaTA GATATAGTTT TAAACGTGAC TTCAAGCTAT 120
 ATGaATGTGA TGA CTGTTCa TCATGTTCTT TGAGACATCA ATGCATGAAG CCAAATTCGA 180
 30 AATCCAATAA GAAAATTATG AAGAATTATA ATTGGGAATA CTTTAAAGCC CAAATTAATC 240
 AAAAGCTTTC TGAACCAGAA ACGAAAAAAT CTATAGTCAA AGAAAAATTG ATGTAGAGCC 300
 TGTTTTTGGA TTTATGAAGG CTATTTTGGG TtTCACTCGA ATGTCAGTTC GGAATAAAT 360
 35 AAAGTTAAAC GAGAGCTAGG TTTTGTATTA ATGGCACTTA ATATAAGGAA AATAgcaGCT 420
 CAACGAGCTG TACATTATAA AATACATATC AAAAAAGCTG ATTTCTATCA AATAAATAAT 480
 AGAAATCAGC TTTTTTACAT TGCCTAAGAA CTTTAAGGAA CTTAATGTCC CAAGCTCTTT 540
 40 TTTGTTATAT CTAATTCGTA ATTTATGATT GTTTATTCCG TCCTTTGATG TTCACTAAAT 600
 GTGACTTTAA ATCTTGTCTT AATTGTGTA ATTCITTTTC AGCTAATTGT CGTCTCTCGC 660
 45 GACCGTGTG TTGAATAAAT AATGTTTCTT CAATTGTCTC AATAATGTTA CGCTGTGTAC 720
 GTTTCAATGT ATCAAGATCA ACAATGCCAC GTCATTTTC TGTTGCAGTT TCAATCGCAT 780
 TTGTTTTCAA CAITTCAGCA TTTGCTGTTA ATAAATCATT AGTTGTATCA GTGACAGCTC 840
 50 GTTGTGCAGC AACTGCATTA CGCTGTCTCA TTAATGTAAG CGCAATGGCC ATTTGATTTT 900
 TCCATAGTGG AATACTTGTC AAAATTGAAC TTTGTATCTT CTCGGCAAGT GCTTGATTAA 960

AGTCATATAT GCGTTTATCT AGTCTATCTA TAAATTGCTG CATATCTGCA ACTTGTTGAA 1080
 TATCCATTTG ATTAGTGGAT TgtGCGCTTG CTGTTGCAAT TGTGGTAGCT TTTCATTTTC 1140
 5 TAATTGCAAC TTTTTTTGcT GTGCAGCAAT GATATGCAAT GATAAGTCAT CAAAGTATTG 1200
 TTTGTTTTTA TCATATAGCG TATCTAATAA TTCAATATCT CTTGTTAAAT GTGTTTGATG 1260
 TTTCTGCAGT TGAATCGTTA TCGATCGAC TTGAGCACTA ACTGATTGCA TTCTTGAAAA 1320
 10 GATTTTCATTG ATAGACGACT TTGCTCTGCT AAAAAATTCTT TTTAACATAG ATGGTTTATC 1380
 AGTATTTAAC TCATTTGGAT TAACTGACTT TAGTTTTGAC ATTAGATCTG ACAAAGTATC 1440
 TCCAATAGGA CCAACATCTT TACTTTGTAC TTCATCCAAC ATTTGATGTG AAAATTGAGA 1500
 15 CATTTGTTTC TGKAAATCAG AACCACGCG TAATAAACCT TCATTGTCTA AAGGGTTAAT 1560
 TTGTTTACTG ATTGTGTCTA CCTGTTTTTG TTGTTCAATT 1600

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 373:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1227 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - 25 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 373:

30 ATGTTGATAA TGGTAGCTTC TACAAGAATA AAGACCAACA AGTTGGTGCA ACAATTCTTG 60
 aTAGTAAAC TGGTGGTTTA GTTGCTATAT CTGGTGACG TGATTTCAAA GACGTCGTTA 120
 ACAGAAACCA AGCAACAGAT CCTCACCTA CTGGTTCATC TTAAAACCT TTCTTAGCGT 180
 35 ATGGACCTGC CATTGAAAAT ATGAAATGGG CAACAAACCA TGCGATTCAA GATGAATCTT 240
 CATATCAAGT TGATGGTTCT ACATTAGAA ACTATGATAC GAAGAGTCAC GGTACTGTAT 300
 CTATTTATGA TGCTTTACGA CAAAGTTTCA ATATCCCAGC TTAAAAGCT TGGCAATCAG 360
 40 TTAAGCAAAA TGCTGGTAAT GATGCACCTA AGAAATTCGC TGCCAACTT GGCTTAACT 420
 ACGAAGGCGA TATTGGTCCA TCTGAAGTAC TTGGTGGTTC TGCTTCAGAA TTCTACCAA 480
 45 CACAATTAGC ATCAGCATTT GCTGCAATCG CTAACGGTGG TACTTATAAC AACGCGCATT 540
 CAATTCAAAA AGTAGTTACT CGTGATGGTG AAACAATCGA ATACGATCAT ACTAGCCATA 600
 AAGCGATGAG TGATTACACT GCATACATGT TAGCTGAGAT GCTAAAAGGT ACATTTAAAC 660
 50 CATATGGTTC TGCATATGGC CATGGTGTAT CTGGAGTAAA TATGGGTGCT AAGACAGGTA 720
 CTGGTACTTA CGGTGCTGAA ACTTATTCAC AATATAATTT ACCTGATAAT GCAGCGAAAG 780

AAGTTAAACA ATATGGTGAA AACTCATTTG TGGACATAG CCAACAAGAA TATCCACAGT 900
 TCTTATATGA AAATGTGATG TCAAAAATTT CATCTAGAGA TGGCGAAGAC TTAAACGTC 960
 5 CTAGCTCAGT AAGTGGTAGT ATCCCATCAA TCAATGTTTC TGGTAGTCAA GATAACAACA 1020
 CTACAAATCG TAGTACACAC GGTGGTAGTG ACACATCAGC AACAGCAGT GGTACTGCAC 1080
 AATCAATAA CAATACTAGA TCTCAACAAT CTAGAAACAG CGGTGGATTA ACAGGTATAT 1140
 10 TCAACTAATC CACTCAACAT AAAATCCTCA GTTATACCAT ATTTATGGTG TAGCCGAGGA 1200
 TTTTnTTAGG TTCTTCATCT TTTATGG 1227

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 374:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1953 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 20 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 374:

25 CCATATGGtG CAACATTCTT CGTATTTAGT GATTATTTAA AACCAGCGTT ACGTTTATCA 60
 TCAATTATGG GATTAAATgC aACGTTcATC TTCACACATG AyTcaATTGC AGTAGGTGAA 120
 GATGGTCCTA CTCATGAACC AATTGAGCAA TTAGCTGGAT TAAGAGCCAT TCCAAATATG 180
 30 AATGTTATCC GTCCTGCTGA TGGTAATGAA ACAAGAGTAG CATGGGAAGT TGCCTTAGAA 240
 TCTGAATCTA CACCTACTTC ATTAGTATTG ACACGTCAAA ACTTACCGGT ATTAGATGTA 300
 CCAGAAGATG TAGTTGAAGA AGGCGTTCGA AAAGGTGCCT ATACAGTTTA TGGCTCTGAA 360
 35 GAGACACCAG AATTCCTATT ATTAGCTTCA GGTTcAGAAG TTAGTCTTGC AGTTGAAGCT 420
 GCTAAAGATC TTGAAAAACA AGGTAAATCA GTACGTGTTG TTTCAATGCC TAACTGGAAT 480
 GCATTTGAAC AACAATCTGA AGAATATAAA GAATCAGTTA TTCCATCAAG CGTAACAAAA 540
 40 CGTGTTGCGA TTGAAATGGC TTCACCGCTT GGATGGCATA AATATGTAGG TACTGCAGGT 600
 AAAGTTATTG CTATTGACGG CTTTGGCGCA AGTGACCTG GCGATTTAGT AGTTGAAAAA 660
 45 TATGGATTa CAAAAGAAAA TATCTTAAAC CAAGTTATGA GCTTATAAGA ATAATTTATA 720
 AAGCGAGTAT GTTTAGAAGT CTAGGATGCA TAATCTTAGG CTTCTTTTAA AGTGTTGAAA 780
 TTTAGAGTAT AGCACTTAAA CTACATCATA AGTGATAAGT TATGAAAGTA TACTATTTCA 840
 50 GATTAATCTT TAAAGCTCT GTTATAACAG CATGATTTTT GATATTATTT TTAGTATCGA 900
 TATTAAAATA CTTGAATAAA CTAGTTCTTG AAATAATGTG ATGAATTTAG TAAATTCAG 960

TGCATTAATT TTAGGTTTAA TTGGAGGTTT CCTTTTAGCT AGAAAATATA TGATGGACTA 1080
 CTTGAAGAAA AACCACCAA TCAACGAAGA AATGCTTCGT ATGATGATGA TGCAAATGGG 1140
 5 TCAAAACCT TCTCAGAAGA AAATTAATCA AATGATGACG ATGATGAATA AAAATATGGA 1200
 TCAAAATATG AAGAGTGCGA AAAAGTAAAT TCGCAATTGA TAGAGGCTAT TTTCCAGATA 1260
 TGGAATGGC CTCTTTTAT AATCAAATTA ATAAGAATAA ATATGTTTAT TAAAATTAAA 1320
 10 GTTAACAAA TGACGAATAG ACTGAGAAAT GCTATAATTC ATTTTGTATG ATTTACAGAG 1380
 AGTTTATTTA ACGAGAAGGT GTCyGCGTGC TCTATTTAAT ATTTTCAATC ATTGTAGCTT 1440
 TATTTATGGG AACTATAGTT ATAGTTATTC GTATGAAAGC TCAAAATTAT CCGGTAAAKG 1500
 15 AGAAAAAAT AGTTTTGCCa CCgTTTTTTA tGGCgACCGG TGCATTGATG TACGTCGTTC 1560
 CaTATTTTAG GCTAACAGGA TCGGAAATGC TAGAAGCCTT TATAATTGGT TTGCTTTTTT 1620
 20 CcACAGTTCT AATTGGACT TCTCGATTG AAGTCAAAGG TACAGAAAT TATATGAAAC 1680
 GATCTAAAGC ATTTCCAGTT ATTTGATTT CATTACTTAT CATTCTACT GTGATGAAAA 1740
 TATTCATTAG TAATGAAATA GATCCTGGAG AATTAGGCGG CATGTTCTTT TTATTAGCAT 1800
 25 TCTGTATGAT TGTTCTTGG AGAGCAGCAA TGCTATATAA ATACAAAAA CTAAAGAAAA 1860
 CATTAATCAA TTAATTACTT TtAAACCAC TTGTGATCGA CTTCTAAATC AGTCAATGAG 1920
 TGGGTTTAAT nTTACTTGGA AAAGGnGGAA AGG 1953

30 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 375:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 3787 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 35 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

40 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 375:

ACATTTGATC AaTTATCGA CATTAAAGAT GAATTCAhTT GATCGTnTCA ATGATTATCC 60
 TGTGAAGTA GCACGTTTGC TTGATATAGT GGAmATaAAA GTACACGCAT TACATTCAGG 120
 45 TATCcACGTT GATTAAAGAT AAAGGGAAAA TAATTGATAT TCATTTATCT GTAAAAGCCA 180
 CTGAAAATAT TGATGGCGAA GTGCTGTTCA AAGCAACACA ACCTTTAGGT AGAACAATGA 240
 AGGTTGGTGT TCAAAATAAT GCAATGzCAA TTACTTTAAC GAAACAAAAT CAATGGCTTG 300
 50 ATAGTTTGAA GTTTTTAGTT AAGTGCATTG AAGAAAGTAT GAGAATCAGT GATGAAGCAT 360
 AAAGAAGCAT TTAATGGCGT TGTCGTGTTA ACTGCTGCAT TAATTGTCAT TAAAATTCTG 420

55

	CAACAAGTGT ATCCAATTGT AGCATTAGGA ATGATATTAT CGATGAATGC CATTTCCTAGT	540
	GCAATTACAC AAAATATAGG GAAGTATCAT AGTGACGAAG CATATGCAAA AGCAGTCGCT	600
5	TATATACAAT TAGTTGGTAT ATTATTATTT ATTGCTATTT TTGTGTTTGC GAACAATATT	660
	GCACATATGA TGGGTGATGG CCATTTAACA CCAATGATTC AAGCTGCAAG TTTAAGCTTT	720
	ATATTTATAG GTATGCTTGG CGTGTTAAGA GGTTATTATC AATCTGCAAA TAATATGACA	780
10	GTTCCGGCTA TTTCCAGGT TATAGAACAA GTTATACGAG TAGGTATTAT CATTGTACT	840
	ATTGTTATTT TTGTAGACAG AGGTTGGACG ATATATGAAG CGGGAACAAT TGCTATTTTA	900
	GCATCAACGA TAGGTTTTTT AGGTTCTTCA ATTTATTTAG TAGCGCACCG ACCTTTTAAG	960
15	TTTAAATGG TAAATAACAC TGCAAAGATC GTTTGGAAAC AGTTCGCACT TTCGGTTTTG	1020
	ATTTTCGCTA TCAGTCAATT AATCGTAATT TTATGGCAAG TGATTGATAG TGTTACTATT	1080
20	ATTAAAGTCAC TTCAAGCGAT ACGCGTGCCA TTCGATGTTG CCATAACTGA AAAAGGAGTC	1140
	TATGACCGTG GTGCATCATT TATTCAGATG GGATTGATTG TAACTACAAC ATTTAGTTTT	1200
	GCGCTCATT CTCTGTAAAG TGACGCAATC AAAATGAATA ATCAGGTACT TATGAATCGT	1260
25	TATGCAAATG CGTCATTAAA GATTACGATT TTAATAAGTA CAGCAGCGGG AATAGGATTA	1320
	ATTAATTTAT TGCCTTTAAT GAACGGTGTG TTTTAAAGA CGAATGATTT AACCTTAACG	1380
	TTAAGTGTIT ATATGATTAC GGTCATTTGT GTATCGTTAA TTATGATGGA TATGGCATT	1440
30	TTACAAGCGC AACATGCTGT GAGACCTATT TTTGTTGGTA TGACGGCAGG ATTGGTTATT	1500
	AAATTTATAC TTAATATCAT TTTGATTCGT TTAAGTGGCA TTATTGGTGC GAGCATTAGT	1560
	ACTGTTGTAT CATTAAATTAT ATTCGGTACG ATTATCCATA TTGCTGTCAC GAGAAAATAC	1620
35	CACTTATATG CGATGAGACG ATTTTTATC AATGTTGTTT TAGGTATGGT ATTTATGTCG	1680
	ATTGTTGTTT AATGCGTGTT AAACATAGTG ACAACACACG GTAGAATCAC TGGACTCATT	1740
40	GAATTATTAT GTGCAGCAGT ATTAGGTATC ATTGCATTGT TTTTCTATAT TTTTAGATTT	1800
	AATGTTTTGA CATATAAAGA GTTAACTTAT TTACCATTTG GTTCAAAGTT GTATCAAATT	1860
	AAGAAAGGAA GACGTTGATG GCACATACCA TTACGATTGT TGGCTTAGGA AACTATGGCA	1920
45	TTGATGATTT GCCGCTAGGG ATATATAAAT TTTTAAAGAC ACAAGATAAA GTTTATGCAA	1980
	GAACGTTAGA TCATCCAGTT ATAGAATCAT TGCAAGATGA ATTAACATTT CAGAGTTTTG	2040
	ACCATGTTTA TGAAGCACAT AACCAATTTG AAGATGTCTA TATTGATATT GTGGCGCAAT	2100
50	TGGTTGAAGC TGCTAATGAA AAAGATATTG TCTATGCGGT TCCGGGTCAT CCTAGAGTTG	2160
	CTGAGACAAC TACAGTGAAA TTAAGTGGCTT TAGCAAAGGA CAATACTGAT ATAGATGTGA	2220

55

	ATGATGGCTT CACACTGTTA GATGCGACAT CATTACAAGA AGTAACACTT AATGTTAGAA	2340
	CGCATACATT GATTACGCAA GTTTATAGTG CAATGGTTGC TGCTAATTG AAAATCACTT	2400
5	TAATGGAACG ATATCCTGAT GATTACCCTG TTCAAATTGT CACTGGTGCA CGAAGCGATG	2460
	GTGCGGATAA CGTTGTGACA TGCCCATAT ATGAATTGGA TCATGATGAA AATGCATTCA	2520
	ATAATTGAC GAGTGTATTC GTACCAAAAA TCATAACATC GACATATTG TATCATGACT	2580
10	TTGATTTTGC AACGGAAGTG ATTGATACTT TAGTTGATGA AGATAAAGGT TGTCCATGGG	2640
	ATAAAGTGCA AACGCaTGma AcgCTAAAGC GTTATTTACT TGAAGAAACA TTTGAATTGT	2700
	TCGAAGCTAT TGACAATGAA GATGATTGGC ATATGATTGA AGAACTAGGA GATATTTTAT	2760
15	TACAAGTGT ATTGCATACT AGTATTGGTA AAAAAGAAGG GTATATCGAC ATTAAAGAAG	2820
	TGATTACAAG TCTTAATGCT AAAATGATTC GTAGACACCC ACACATATTT GGTGATGCCA	2880
20	ATGCTGAAAC TATCGATGAC TTAAAAGAAA TTTGGTCTAA GCGGAAAGAT GCTGAAGGTA	2940
	AACAGCCAAG AGTTAAATTT GAAAAAGTAT TTGCAGAGCA TTTTTTAAAT TTATATGAGA	3000
	AGACGAAGGA TAAGTCATTT GATGAGGCCG CGTTAAAGCA GTGGCTAGAA AAAGGGGAGA	3060
25	GTAATACATG AGATTAGATA AATATTTAAA AGTATCACGG TTAATAAAGC GACGTACGCT	3120
	AGCAAAAGAA GTAAGTGATC AAGGTAGAAT TACAATAAAT GGTAATGTTG CTAAAGCTGG	3180
	ATCGGATGTT AAAGTTGAAG ATGTGCTGAC GATTCGCTTT GGTCAAAAAT TAGTAACAGT	3240
30	TAAAGTAACT GCATTAAATG AACATGCATC TAAAGATAAC GCGAAGGGTA TGTATGAAAT	3300
	CATTGAAGAG CGTCGACTTG AAGAAGCGTA AATTGGAGGT GACAAGCAAT GAAAAATAAA	3360
	GTAGAACATA TAGAAAATCA GTACACGTCG CAAGAGAACA AGAAAAACA ACGTCAAAAA	3420
35	ATGAAAATGC GTGTTGTTc TAGGCGTATT ACAGTATTTG cGGGCGTATT aCTTGCGATA	3480
	ATTGTTGTTT TATCaATCTT GCTTGTGTG CAAAAACATC GCAATGATAT TGATGCACAG	3540
	GAGCGAAAAG CGAAAGAAGC ACAGTTTCAA AAGCAACAAA ATGAAGAAAT TGC GTTAAAA	3600
40	GAAAAGTTGA ATAATCTGAA TGACAAAGAT TACATTGAAA AAATTGCGCG TGATGATTAT	3660
	TACTTAAGCA ACAAAGGTGA AGTGATTTTT AGGTTGCCAG AAGACAAAGA TTCGTCTAGC	3720
45	TCAAAATCTT CGAAAAATA AATCCAAAT GATTCAAAAT TATCCGAGTA TAGACATTGT	3780
	GAAAAAA	3787

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 376:

50 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1644 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double

55

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 376:

5	TAAACCATTT CAACTGAGG AACGCnAAGA CGGsACgTTT CCAGATTAG AAGTATTAA	60
	AAATGAATGT GATTTAAGCT ATGACATAAC GTCACTTTAT ACTTTTAAGC AACCTGTATC	120
	ACCACACCTT GCATTTAAAA TGACAGATCA AATTTTCTA AATAAGCAGC GTGTATTAGA	180
10	TAAGGTAAAA GTTTTAGATA AGGAATTTGA TTTTATCTTA ATTGAGGGTG CTGGGGGAAT	240
	TGCCGTACCA ATATATGAAG GTACAGATGA TTTCTACATG ACTAAAGATC TAATCAATGA	300
	TTGTGCAGAT TGTCATCA GTGTGTTGCC ATCAAAATTA GGTGCTATTA GCGATGCCAT	360
15	TGTTACCAA GATTATGTTA ATCAGAATGT ATCGGCGAGT AATTTTTTAA TAATGAATCG	420
	CTATACAGAC AGCTATATTG AAAAAGACAA TCAAATGACG ATTGGAAAAT TAACAAATAA	480
20	AACAGTCTAT ACATTTGAAG AACATGCCAC GTATGAAAAT TTCTCAGAAG CATTTTTTAA	540
	ACAATTAATA GGAGTTAAAA ATGAATTACA CACAACAAC TAAACAAAAA GACTCAGAAT	600
	ATGTTTGCCA TCCATTACA CAAATGGGTG TATATAGCAA AGAAGAAGCA ATCATCATTG	660
25	AAAAAGGAAA GGGTAGTTAC CTTTACGATA CGAATGGCaA TAAATATTTA GATGGTTATG	720
	CATCGTTGTG GGTCAATGTG CATGGTCATA ATAACAAATA CTTnAATAAG GTAATTAAAA	780
	AGCAACTCAA TAAATTGCC CATTCTACGC TGCTAGGATC ATCAAATATT CCGTCAATAG	840
30	AACTTGCGGA AAAATTAATC GAAATCACGC CAAGTAATCT AAGAAAAGTA TTTTATTCTG	900
	ATACAGGCAG TCGCTCTGTT GAAATCGCAA TAAAGATGGC ATATCAGTAT TGGAAAAATA	960
	TTGATAGAGA AAAATATGCC AAGAAAAACA AGTTTATAAC GCTAAATCAC GGTTATCATG	1020
35	GGGATACGAT TGGTGCGGTA AGTGTTGGTG GTATCAAGAC CTTTCATAAA ATATTTAAAG	1080
	ACTTAATATT TGAGAATATT CAAGTAGAAA GCCCATCTTT CTATCGCAGT AATTACGATA	1140
	CTGAAAATGA AATGATGACA GCTATTTTAA CGAATATAGA GCAAATTCTA ATTGAAAGAA	1200
40	ATGATGAAAT CGCAGGGTTT ATATTGGAAC CGTTGATTCA AGGTGCGACA GGCTTGTTTG	1260
	TTCATCCTAA AGGCTTTTTG AAAGAAGTCG AGAAATTGTG CAAAAAATAC GATGTCTTAT	1320
45	TAATTTGTGA TGAGGTAGCA GTTGGTTTTG GGAGAACTGG AAAGATGTTT GCATGCAATC	1380
	ATGAAGATGT TCAACCGGAT ATTATGTGTT TAGGTAAGGC GATTACTGGT GGCTACTTAC	1440
	CACTTGACAG TACATTGACA TCTAAAAAAA TATACAATGC ATTTTTAAGT GATTGCGATG	1500
50	GTGTGAATAC CTTTTTCCAT GGTCaTACAT ACaCCGGAaA TCAAATcGTT TGTaCGGTTG	1560
	cATTaGaAAA TATaAGaCTT TATGaAAAAC GTaAGTtnAT TGTgCACATa TTGaAACGaC	1620

55

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 377:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 431 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 377:

ATGATTTTcA aAAATCATTa AGTTAAGGTt GATACACATC TTGTCATATG ATCAAATGGT 60
 TTCGCCAAAA ATCAATAATC AGACAACAAA ATGTGCGAAC TCGATATTTT ACACGACTCT 120
 CTTTACCAAT TCTGCCCCGA ATTACACTTA AAACGACTCA ACAGCTTAAC GTTGGCTTGC 180
 CACGCMTTAC TTGACTGTAA AACTCTCACT CTTACCGAAC TTGGCCGTAA CCTGCCAACC 240
 AAAGCGAGAA CAAACATAA CATCAAACGA ATCGACCGAT TGTTAGGTAA TCGTCACCTC 300
 CACAAAGAGC GACTCGCTGT ATACCGTTGG CATGCTAGCT TTATCTGTTC GGGCAATACC 360
 aTGCCCATTG TACTTGTTGA CTGGTCTGat ATCcGTGAGC AAAAACGGCT TATGGTnTTG 420
 CGAGCTTCAG T 431

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 378:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2006 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 378:

TTTnTATAAC GTATTATAAA TCGTTAAAAA TTTTGGTTGT GTTTGCGTCA CGTAGACAAC 60
 CTCCATAAAG TTACTTAATC ACTCTCATCA TACAATAATT TTTACTCAA TTGGAAnAAT 120
 TATAAAAATT AAATATAGAT AGGCTTTGAA AATTAGTTTT ATACAAGGTT AGTAGCTGTA 180
 ACTGTAAAAT GTTCTTAATA TTGTCAAAAT GTAATGCTTG AAAGCGCTTT TAAAnAATAT 240
 TATTATATAC ATGGTTAGAC AAATAGACAA ATCACTATAC AAATATTGGG AGGAATATTT 300
 TATGAAATCA ACACCACACA TTAACCAAT GAATGACGTC GAAATTGCAG AAACGGTTCT 360
 ATTGCCAGGA GATCCGTTAA GAGCTAAGTT CATTGCAGAA ACTTATTTGG ATGATGTGGA 420
 ACAGTTCAAT ACAGTGCAGAA ACATGTTTGG TTTTACCGGA ACATATAAAG GTAAAAAAGT 480
 TTCTGTCATG GGTTCAAGTA TGkGTATGCC ATCTATTGGC ATTTACTCTT ATGAATTAAT 540

	CATTGATTTA TATGATGTGA TTaTTkCACA AGGTGCCTCT ACTGATTCAA ATTACGTTCA	660
	ACAAATATCAA TTACCAGGTC ATTTTGCGCC AATTGCTTCT TATCAATTAT TAGAAAAAGC	720
5	AGTTGAAACA GCACGTGACA AAGGTGTACG TCATCATGTA GGTAATGTGT TATCAAGTGA	780
	TATTTTCTAT AACGCGGATA CAACAGCGAG TGAACGTTGG ATGCGTATGG GTATTTTAGG	840
	TGTAGAAATG GAATCaGCTG CaTTATACAT GaATGCaaTT TACGCTGGTG TCGAAGCAIT	900
10	AGGTGTGTTT ACAGTGAGCG ATCATTTAAT TCATGAAACG TCAACAACAC CTGAGGAAAG	960
	GGAACGTGCA TTtaCAGATA TGATTGAAAT TGCACGTGCA TTGGTGTAGA TGATTATGAA	1020
	TGTTGAATAT TCTAAAATAA AGAAAGCAGT ACCTATTTTA TTATTCTTAT TTGTATTAG	1080
15	TTTGTTTATA GACAACTCAT TTAAATTGAT TTCTGTAGCC ATTGCTGATG ACTTAAACAT	1140
	ATCTGTAACG ACAGTAAGTT GGCAAGCGAC ATTAGCCCGT TTAGTAATTG GTATTGGCGC	1200
	TGTAGTATAC GCTTCATTAT CTGATGCCAT TAGTATACGC AACTATTTA TTTATGGCGT	1260
20	GATATTAATC ATTATCGGAT CAATTATTGG TTACATTTTC CAACATCAAT TCCCATTACT	1320
	TTTAGTTGGA CGTATTATTC AAAGTCCCGG TTTAGCTGCT GCAGAGACAT TATATGTGAT	1380
	ATATGTTGCA AAGTATCTTT CTAAAGAGGA CCAGAAGACT TACCTTGGCT TAAGTACGAG	1440
25	CAGTTATTCC TTGTCATTAG TTATCGGTAC ATTATCAGGT GGATTATTTT CTACGTATTT	1500
	AACTGGACA AATATGTTTT TAATTGCATT AATCGTAGTA TTTACGTTGC CATTCTTATT	1560
30	TAAATTATTA CAAAAGAAA ATAATACGAA TAAAGCTCAT TTAGATTTTG TTGGCTTAAT	1620
	TCTAGTGGCA ACTATTGCTA CAACAGTCAT GCTGTTTATT ACGAACTTTA ATTGGTTATA	1680
	TATGATTGGT GCCTTAATTG CGATTATCGT TTTTGGCTA TATATTAAAA ATGCGCAACG	1740
35	TCCATTAGTA AATAAATCAT TTTTCCAAAA TAAAGTTAT GCTTCATTTT TATTTATAGT	1800
	ATTGTAAATG TATGCTATCC AATTGGGTTA TATTTTACG TTCCCATTCa TAATGGAGCA	1860
	AATTTATCAT CTGCAACTAG ACACAACATC ACTGTTATTA GTACCGGGgT TaTATAGTAG	1920
40	CAGTCATTGT TGGtGgCACT AAGTGGgTtA AAATCGGgCG rAATATCTGG AATTCCAAAA	1980
	CCAAGCGGAT TATCACAGCC AATTAA	2006

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 379:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 4858 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

	TGGGGAAAAA AAGACCCAGC AGTATTAGAA GAATCGTTAA ATATTTCTAT TGAAGAAATG	60
	AATCGTATCA TAAAATTAGT CGAAGAATTA CTTGAATTGA CTAAAGGAGA TGTAATGAC	120
5	ATTCTTCTG AAGCACAGAC CGTGCATATT AATGATGAAA TTCGCTCGCG AATACACTCA	180
	TTAAAACAAT TGCATCCTGA TTATCAATTT GATACGGATC TGACATCTAA AAATCTAGAA	240
10	ATTAAAATGA AACCTCATCA ATTGGAACAA TTATTTTAA TCTTTATTGA TAATGCAATC	300
	AAATATGATG TGAAGAATAA GAAAATTAAA GTTAAGACAA GGTAAAAAA TAAGCAAAAA	360
	ATAATTGAAA TTACAGATCA TGGAAATTGGT ATTCCAGAGG AAGATCAAGA TTTCATTTTT	420
15	GATCGCTTTT ATCgAGTGGA TAAATCTCGT TCAAGAAGTC AAGGCGGTAA TGGACTCGGA	480
	TTATCTATTG CTCAAAAAAT CATTCAATTA AACGGAGGAT CGATTAAAA TAAAAGTGAA	540
	ATTAACAAAG GAACAACGTT TAAATCATA TTTAATCAT GACTGAGACG TCAATCAAAG	600
20	TCATAGGATC AATTTTTTAA GTACACATTA GCTGTGACTA ATGTATAAGA ACAACTATAA	660
	AACAAATAAA CAGTGGTTCT TTATCATTTT TGTGTACTC CCAAATTTA CAATAAAATA	720
	CATCTATAAA CCTAGAAGAA TCAACGCTTT TGTGATTCT TCTTTTAGC AGATAAATAG	780
25	GTAAATCTAC TTAAACAAAT AACTAAATAG TGATATTATT ACATTGTAAG CGTTTCAACA	840
	TTTTTGTTGA GGGTGTAATA TGACTAACGA AAGAAAAGAA GTTTCAGAGG CTCCTGTAAA	900
30	CTTCGGTGCG AATTTAGGTC TAATGTTAGA TCTATATGAT GACTTTTAC AAGATCCATC	960
	ATCTGTACCA GAAGATTTAC AAGTCTTATT CAGCACAATT AAGAATGATG ACTCAATTGT	1020
	ACCAGCTTTA AAAAGTACAA GTAGTCAAAA TAGCGACGGC ACAATTAAGC GTGTCATGCG	1080
35	TTTAATTGAT AATATTCGCC AATACGGGCA TCTTAAAGCC GATATTTATC CTGTAAATCC	1140
	TCCAAAAGG AAACATGTAC CTAAATTAGA GATTGAAGAC TTTGATTAG ATCAACAGAC	1200
	TTTGAAGGT ATATCAGCAG GAATTGTTTC AGATCACTTT GCCGACATTT ATGATAATGC	1260
40	TTATGAAGCA ATTTTAAGAA TGGAAAAACG TTACAAAGGA CCAATTGCAT TTGAGTATAC	1320
	ACATATTAAT AACAATACCG AACGTGGTTG GTTAAAAAGA AGAATTGAAA CGCCATATAA	1380
45	AGTAACGTTA AATAATAACG AAAAAAGGGC ACTATTCAA CAATTAGCGT ATGTTGAAGG	1440
	GTTTGAAAAA TATCTTCATA AAACTTCGT TGGTGCAAAG CGTTTTTCAA TTGAAGGGGT	1500
	AGACGCACTT GTACCGATGT TACAACGTAC TATTACGATT GCTGCGAAAG AAGGTATTAA	1560
50	AAATATACAA ATAGGCATGG CTCACCGTGG ACGTTTAAAC GTTTTAACGC ATGTCTTAGA	1620
	AAAACCGTAC GAAATGATGA TTTCAGAATT TATGCATACA GATCCAATGA AATTCTTACC	1680
55	TGAAGATGGT AGCTTGCACT TAACTGCTGG ATGACTGGT GATGTGAAAT ATCACCTTGG	1740

	AAGTCACTTG GAAATTGTTG CACCTGTTGT TGAGGGGCGT ACGAGAGCAG CACAAGATGA	1860
	TACACAACGA GCTGGGGCTC CGACGACTGA TCATCATAAA GCAATGCCAA TTATTATACA	1920
5	TGGCGATGCT GCTTATCCTG GTCAAGGAAT TAACTTCGAA ACAATGAACT TAGGAAACTT	1980
	GAAAGGCTAT TCTACGGGTG GTTCATTGCA TATTATTACT AACAAAGAA TTGGATTTAC	2040
	TACAGAACCA ATTGATGCAC GTTCAACAAC TTATTCTACA GATGTGGCCA AAGGTTATGA	2100
10	TGTGCCAATA TTCCATGTCA ATGCAGATGA CGTTGAAGCT ACTATTGAAG CAATTGATAT	2160
	TGCAATGGAA TTTAGAAAAG AGTTTCATAA AGACGTCGTT ATTGATTTAG TAGGTTATCG	2220
	TCGTTTCGGA CATAACGAAA TGGATGAACC ATCAATTACT AATCCaGTTT CTTATCAGAA	2280
15	TATTCGCAAA CATGACTCTG TTGAATATGT GTTTGGTAAA AAGCTTGTTA ATGAAGGTGT	2340
	CATTCAGAA GATGAAATGC ATTCATTTAT AGAACAAAGTC CAAAAGGAAC TAAGACAAGC	2400
20	TCATGATAAA ATTAATAAAG CTGATAAAAT GGATAATCCA GATATGGAAA AGCCTGCAGA	2460
	TCTTGCAATTA CCGTTACAAG CAGACGAACA ATCATTTACT TTTGATCACT TGAAAGAAAT	2520
	AAATGATGCA TTGTTAACAT ATCCGGATGG CTTTAACATT TTGAAAAAGT TAAACAAAGT	2580
25	TCTTGAGAAG CGTCATGAGC CGTTTAATAA AGAAGATGGT TTAGTTGATT GGGCACAAGC	2640
	AGAACAACCTT GCATTTGCGA CAATTTTACA AGATGGTACA CCGATTTCGCT TAACTGGTCA	2700
	AGATAGTGAA CGTGGTACAT TCAGTCATAG GCATGCCGTG TTACATGATG AGCAAACAGG	2760
30	TGAAACATAT ACACCTTTAC ATCATGTTCC TGATCAAAAA GCGACATTTG ATATACACAA	2820
	TTCTCCGCTT TCAGAAGCAG CAGTAGTTGG TTTTGAATAC GGCTATAATG TGGAAAACAA	2880
35	AAAAAGCTTC AATATTTGGG AAGCACAATA TGGTGATTTT GCAAATATGT CACAAATGAT	2940
	TTTGAACAAC TTCTTATTCA GTTCTCGCTC AAAATGGGGA GAACGTTTCA GATTAACTT	3000
	ATTCTTACCT CATGCATATG AGGGTCAAGG GCCTGAACAT TCATCAGCAA GATTAGAGCG	3060
40	ATTTTTACAA TTAGCTGCTG AAAATAATTG CACAGTTGTC AACTTATCTA GTTCAAGTAA	3120
	TTATTTCCAC TTATTGCGTG CACAAGCGGC TAGTTTAGAT TCTGAACAAA TGCGACCATT	3180
	GGTTGTTATG TCACCAAAAA GCTTACTGAG AAATAAAACA GTTGCAAAAC CAATTGATGA	3240
45	ATTTACTTCT GGTGGATTTG AGCCAATTTT GACAGAATCA TATCAAGCGG ATAAGGTTAC	3300
	AAAAGTTATT TTGGCAACTG GTAAAATGTT CATTGATTTA AAAGAAGCAT TAGCTAAAAA	3360
50	TCCAGACGAA TCAGTATTAC TCGTTGCGAT TGAAAGATTG TATCCATTCC CAGAGGAAGA	3420
	GATTGAAGCA TTACTAGCAC AATTGCCAAA CCTTGAAGAA GTGTCATGGG TACAAGAAGA	3480
	ACCTAAAAAT CAAGGTGCAT GGTATATATG CTATCCATAT GTTAAAGTGC TAGTTGCAGA	3540

55

AGAAATTCAT AAACCTTGTTT AAAATAAAAT TATAGAAAAT GCATTAAAAA ATAAC TAGGG 3660
 GGAAATAAGT CATGCCAGAG GTTAAAGTTC CAGAATTAGC AGAATCTATT ACAGAAGGTA 3720
 5 CCATTGCAGA ATGGTTGAAA AACGTAGGGG ATAGCGTAGA AAAAGGTGAA GCTATTCTTG 3780
 AATTAGAAAC TGATAAAGTT AATGTCGAAG TTGTATCTGA AGAAGCAGGT GTATTATCTG 3840
 AACAACTTGC AAGTGAAGGC GACACTGTAG AAGTTGGACA TCGCAATTGCT ATCATCGGCG 3900
 10 AAGGTAGTGG CAATGCTTCT AAAGAAAATA GTAACGACAA TACTCCACAA CAAATGAAG 3960
 AAACAAATAA TAAAAAGAA GAAACAACAA ATAATTCGGT AGATAAAGCT GAAGTAAATC 4020
 AAGCAAATGA TGACAATCAG CAACGTATTA ATGCTACGCC TTCTGCGCGT CGATATGCTC 4080
 15 GTGAAAATGG TGTGAATCTT GCTGAAGTAA GTCCGAAAAC AAATGATGTG GTTCGTAAAG 4140
 AAGATATTGA TAAGAAACAA CAGGCACCGG CATCAACACA AACAACACAA CAAGCATCTG 4200
 20 CAAAAGAAGA GAAAAATAC AATCAATATC CTACAAAACC AGTGATTCGT GAAAAATGT 4260
 CACGTAGAAA GAAACAGCT GCCAAAAAT TATTAGAGGT ATCTAATAAT ACAGCTATGT 4320
 TAACAACATT TAACGAATG ACATGACAAA TGTTATGGAA TTGCGTAAAC GTAAGAAAGA 4380
 25 ACAATTTATG AAAGATCATG ATGGTACTAA ATTAGGATTT ATGTCATTCT TTACTAAAGC 4440
 TTCTGTAGCA GCTTTGAAAA AGTATCCAGA AGTTAATGCA GAAATCGACG GCGACGACAT 4500
 GATTACGAAA CAATATTATG ATATTGGTGT AGCTGTTTCT ACAGATGATG GATTATTAGT 4560
 30 ACCATTTGTA AGAGATTGTG ATAAAAAGAA TTTTGCAGAA ATCGAAGCAG AAATTGCTAA 4620
 TTTAGCAGTT AAAGCAGAG AGAAAAAAT TGGCTTAGAT GATATGGTTA ATGGTTCATT 4680
 TACGATTACA AATGGCGGTA TTTTGGATC AATGATGAGT ACGCCAATTA TCAATGGTAA 4740
 35 TCAAGCTGCA ATCTTAGGCA TGCATTCAAT TATTACAAGA CCAATTGCGA TTGATCAAGA 4800
 TACAATCGAA AATCGTCCAA TGATGTATAT TGCATTAAGC TATGATCATA GAATTATT 4858

40 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 380:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2222 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 45 (D) TOPOLOGY: linear

50 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 380:

ATCAGTCACA CGGTAGGCAT ATAAAATGAG TCGTTTCTAC AACATTTTAA AACAGTTCAT 60
 TCAATATTAT TTTTATCTAA TAATnATATT GGGAGGATTA TACCTTTATA CACACCATGC 120

55

	ATGCTATTTA GCTAAAGCTA AAAGACCAGA CACTATGCAT ATTTCAACTG GAAATATGTG	240
	GCGATACTTA GTTGCAATTA TTGCCTGTAT GATTGGGTAC CTTAATAAAG CGCATGTAAG	300
5	TATCATCGGT ATAATTATTG GTTTAATGAT TTCATATGTT GTAGTTATCA TACGTCCTTT	360
	ACTAAAGGTG AGCAAATAAA TTAAGAAAGA GGTGAGATTA TGGATCACAA ATCCCCGCTC	420
	GTGAGTTGGA ATTTATTTCG TTTTGaTATC GTTTTCAATT TATCAAGTAT ATTGATGATA	480
10	CTTGTTACGG cGTTTCTTGT TTTTCTACTT GcTATCATTT GTACGCGTAA TTTGAAAAAA	540
	AGACCAACTG GCAAACAAAA TTTCGTTGAA TGGATTTTTG ATTTCTGTGAG GGAATCATT	600
	GAAGGTAACA TGGCTTGGA AAAAGGTGGT CAATTCCACT TCTTAGCAGT AACGCTGaTT	660
15	CTGTACATTT TTATAGCTAA TATGTTAGGT CTTCCGTTTT CTATAGTAAC GAAAGATCAC	720
	ACATTGTGGT GGAAATCACC GACAGCnGAT GCAACAGTGA CTTTAACGTT GTCTACAACG	780
20	ATAATACTGT TAACTCACTT TTATGGAATT AAAATGCGTG GTACGAAACA ATATCTTAAA	840
	GGTTATGTAC AGCCGTTTTG GCCATTGGCA ATTATTAATG TTTTGAAGA GTTCACTTCA	900
	ACATTAACGC TTGGTCTGCG TTTGTACGGT AACATATTTG CAGGTGAGAT ACTATTAACA	960
25	TTACTTGCTG GCTTATTCTT TAACGAACCA GCATGGGGTT GGATTATTAG TATCCCAGGA	1020
	TTAATTGTTT GGCAAGCATT TTCAATATTT GTAGGAACAA TCCAAGCATA TATCTTTATT	1080
	ATGCTTTTCGA TGGTTTATAT GTCACATAAA GTGGCAGATG AACACTAAAA ATTTCAATAA	1140
30	TTATATACAA TCACAGGAGG AAATTAAATT ATGAATTTAA TCGCAGCAGC AATCGCAATT	1200
	GGTTTATCAG CATTAGGAGC AGGTATCGGT AACGGTTTAA TCGTTTCAAG AACAGTTGAA	1260
35	GGTGTAGCAC GTCAACCAGA AGCACGTGGT CAATTAATGG GTATCATGTT CATTGGTGTA	1320
	GGTTTAGTTG AGGCATTACC TATCATCGGT GTAGTAATTG CATTGATGAC ATTTGCTGGA	1380
	TAATTAACAG ATAAAAGAGG TCGGGACAAA GCGCATAGGA CATAATTCAT GATGCATATA	1440
40	TAGTAATATC TTTGAACTTT ATTAAATAGT TGAGATATGA ACGCACCATG CCTATCGCAT	1500
	AAATTCAGTA GGTCCTAACC TCGTCGTTTT TTTCTATATA AACTAGCGA TTATTTTAAT	1560
	GAAAGGAGTG TCATGAACCC GTGACTGAAA CAGCTAACTT ATTCGTTCTT GGTGCAGCTG	1620
45	GAGGCGTTGA GTGGGTACT GTGATTGTAC AGGTCCTAAC TTTCATCGTG TTACTTGCGT	1680
	TACTTAAAAA GTTCGCATGG GGTCCATTGA AAGATGTAAT GGATAAACGT GAAAGAGATA	1740
	TTAACAGAGA TATCGATGAC GCAGAACAAG CTAAGTTAAA TGCACAGAAA CTTGAAGAAG	1800
50	AAAATAACA AAAACTTAAA GAAACACAAG AAGAAGTTCA AAAGATTTTA GAAGATGCTA	1860
	AGGTTCAAGC ACGTCAACAG CAAGAACAAA TTATTCaTGA AGCAAACGTA CGTGCAAACG	1920

55

TTAATAATCa AGTATCTGAA CTATCAGTGT TAATTGCTTC TAAAGTTCTT AGAAAAGAAA 2040
 TTTCTGAACA AGACCAAAAA GCATTGGTTG ACAAGTATCT AAAAGAGGCA GGCGATAAAAT 2100
 5 AATGGTAAAA GTAGCTAACA AGTATgCTAA AGCATTATTT GACGTGTCAT TAGATACAAA 2160
 TAATTTAGAG ACTATTAATG AAGAATTAAC AGTTATAAAT GAAGCAGTAA AAGATAAAAT 2220
 TG 2222

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID-NO: 381:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1143 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 15 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 381:

TAACAATTCC TaTATTCATG TTTAATACGA AACACTACAT TTACATTGTA ATTCACTATC 60
 TTTTGAAGTA ATAAAGTGAT TTGTTCAATC GATAGCTCAT TGCTTGTGTC GATTGTAAACA 120
 25 ATTATATGCA AGTTTTCAGG ATTAACACCT AATCTTTGAA TGATTTGTTT AATAGTATAA 180
 TAATCCATCC AATAAAAATT ACTTCCTTTA ATATAAATGT TTTTAGGTTG ATACATTTGA 240
 CTCCTTTTTG TAGGCTCAAA AGGTATATCA ATCTCGCGCA TACTTGAAGA ACTTTGATTA 300
 30 GTATCATCAA ATAATTCAAT TATATTTTTA TCAATTTCAA CTAATTGGGA ATGGTTAATT 360
 GAATGAGATG TTGGACTATA TCTTTTCTA ATTAATTAG GAGTGTACC ATACGTTTCT 420
 TTAAAGAGGT GTATAAACG AGAATAATGA TTAAACCAT GACTACTTGC GATTTCTTCA 480
 35 ATAGGCTTCT TAGrAGTTAA AATATCAATT AAGCAATGCT CCAGTCTAAT ATGATTTAAA 540
 TATTGAATAA AATTACTATA AGGTGTCGCT TTAAACATGT CACTTAAAGC TTTGTTTGTA 600
 ATACTAACTT GATTAAATGAC ATCTTTCCTA TTTATCTTTT TATGGTGGTT GTTTGTAAAA 660
 40 TAATCGTGCA CTTCTTCGGC TACTAAATGA CGACTACCAT CGTATGTATT TAATGACATT 720
 AATTCAACAC ACATGTAATT AATAATCTTA TCATTAGCAT TATAAGACTG TTGTTTAATT 780
 45 TTGCTGTAGA TTAAATACTT AATCAAGATT CTAAAAGTGC TAGCAACCTC ATTTGTTAAT 840
 ATCTTGCCAC GCATCATATA GTTTGCATTC ATAAACTTCA AAAATGTCTT TGCACTTACT 900
 TCAACAACAC AACATACACT ATCATCATTA CCATCAATTT GATACAAATC ATTCAACATA 960
 50 ATAATGGTGA CATCATTTCT TTTTACATCA TATTGTTGTA GATTGATTGA AACTACACCT 1020
 GTACCTTGTA GCCAATATAT AATTTTtAAG TTCGCTTCCT TCACACTACT CATTTTCATA 1080

55

ATT

1143

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 382:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 506 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 382:

```

GGACCACCTT TTTTACCTGT ACGACTAAAG CCAACTGTTT TAAAGGCACC AACAGCATGC      60
CACACTTGAA TAATTTCTTG TGATGGTCTA AAGCGAACCG TATAAATTAA TGGATGGAAA      120
TCATCAACAA AAATATAATC GGCCTTACCA AGTAAATATG GCAATCTAAA CTTGTCTCTC      180
CATTTGCGTC TATCCGTAAT ATTCTCCTTA AATACCGTTT TAATATCATA ATCAAAATCT      240
ACTTTTTGGC GTAGTAACTC ATCATATACA TACTTGAAAT TCCCTGATAA ATTCGGACGC      300
GAATCTGATG TGAATAATAT TGTTTTGCTT CTTTAAATAT GTAGTAACTT TGTAATATTA      360
AAAATAGCTT TAAATAAGAA ACTTCTACTT TCAAATGAAG CTTTATGACC TTGTTTatGA      420
AGCCAGTGTG cACTTgTCGC AATGaCCCCT GaTTTCyCyT GagGtAAGGk GaTTTCmATA      480
TCAAATACAA ATTCGTTAAC GTCACT      506

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 383:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 421 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 383:

```

AGCATCTGCA AtGAGTcTCT AATACAACGA TACGTTTTGC ATCTTTAGGT ACTTTTACTG      60
TACCATTTTC ATCTTTTACC GAAATAGTAT CTTTAGTTGA TGATTCTTTT TTAATTGAAT      120
TATCCGTATT ACCACAAGCT GCAACTAAAA GTAAGGCAAC TATTAATCCC AATATACTAA      180
AAGTTTTTAG ACCTCTCATC GTTCCACTCC TTAATATGTA TAACCTCATT TATTATTTTA      240
TTGATAACAA TTATCATTGT CAAGTAGCGT TCAATCTTTT TTATATTTCT AAAATGTATG      300
ACTATATATT TCCTCTAATA ATTATGACTA CAATTAGCAC ATTTCTTAG ACAAATACT      360
GATAATGTAT CATTGCTATA TCATCTTTGC ATTAATACAA TTGACACCAT TTAGCATGAC      420

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 384:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 862 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 384:

TGCACTTGAT ACTTTAGCAC ATGAAATTGC TAATCGATTA GTTGCAAATG ACAAGAATGA 60
 AGCAACTTTG GAAATGACTA ATAAAATGGC AACGATTCGT TTTACAGAAC CTACGCTGAT 120
 TGCATTAGCA GGGGGTAATG TCAAAGCTTA CACTGAGCAT ATGACTATAT CTCCATATAA 180
 ATTGTATTTG TTAGATAAAG GCGATGTTTT AAAGTTTGA GAAACAAGTT ATACATCGCG 240
 AGTGTATTTA GCTGTgGGAG GCGGATTTGA ATTAGATGCA TGGTTAGGAT CTAACCTAAC 300
 CGACTTTAAT GTAAAAATTG GTGGTTTTAA AGGTAGAACA TTACAAGATG GCGATGAAAT 360
 AAAGCTTAAG AGAGATTATA CAGCTCGTCA TCATAAGTTA TTTGAAAACC TTGCTCACAC 420
 GAAACAAACA GATTGGGGTA TTGATGGATA CGCCTTGTC TTTAATTATA TGTCTGATGT 480
 ATTTTCATGTC GTTAAAAATA AAGGTACGGA AGATTTTAAA GAAGATGCCA TTCAAAGATT 540
 TGTGAAACAT GATTATAAAG TAACGAGCAA AGCAAATCGC ATGGGGATGA TGCTTGAAGG 600
 TGAAAAAATC AAAGCTTTTT ATGAAGATAT GCCACCGTAT CAGACTGTCA AAAAAGGAAC 660
 GATACAAATT AAGCGTGATG GCACACCTAT TATCCTATTA AATGATCATT ATACGCTAGG 720
 TAGCTACCCG CAAATCGGTA CAATCGCAAG TTATCATTTA ACGAAATTAG CACAAAAACC 780
 GCAAGGATCA CGTTTGAAAT TTCAATTTAT AGATATTTTA ACGGCTGAAA AGAACCTTGT 840
 TAAgTATAGT AACTGGTTAA AC 862

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 385:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1027 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 385:

AAATGAGTTG ATGATGGCTC CTATTCCATC TATCTCTAGG TATGACAGAA sATAAACGGT 60
 CTTCTACCTG TCTsACATTA TCTTTCCAAC GATTAATACC TAAGCGTTTA GAAACACGTT 120

	CAGTTTTACG TCCTACACCT GCTAAACTTT CTAATTCCTT ATGTGTTTGT GGTATTTCCTC	240
	CATTAAATTG ATCAATCAAA GATTGACAAA GTTCTTAAT ATTCTTAGCT TTGTTACGAT	300
5	ACAGACCGAT AGAACGAATA TCATTCATAA GTTCTTCATC ACTGACTGCC AAATAATCTT	360
	CAGGCGTTTT GTATTTTTTA AACAGCTCAG TTGTTACTCT ATTTACTAGA ACGTCTGTAC	420
	ATTGCGCTGA CAATAATACA GCAATAGTTA ATTCGAACGG ATTATCATGT TTTAATTCAC	480
10	ATTCTGCATC CGGAAACATA TTTGCTATAA CATCAATCAT TTCTAATGCT TTTTCTTAC	540
	TTACCATCAA GGTTCTCCCC GTTTAACCAA TCAAATTTAG GTACCGTTTT AACTGTGTGC	600
	GTCATTTTCG GTTTATTGAA TTTTCTCTT ATTTTCTAG AATCGTCAAT TGTTTTGACA	660
15	TTGTTTTTCT TCCAATTAAG TAAATACGA TCTATATATT TAAAGCTAAG TTTATTCAAA	720
	CTATTCGCCT CGTCTAATGC CGCTTGATA ATTGCAGTAT CGTGTATTATC AACATCAATC	780
20	CATTGATTTA ACGTTTCTAT TTCATATGGA GATAACGGCC TTGCAAATGT ATCCTCTAAA	840
	ACTCTAAATA ATTGTTTAAA TTTTCTTTA CTATTTAGCT CTTTCGTTTC CATACTTTGT	900
	TGCTTCAATA TATGACTTAA TTTTTCGAAA AAAGGATCTA GATTCATATA TTCGGKAAAT	960
25	CTACCTTCyT CATCyTTTTG aACTkGtAAT tCTAGCAATT CACGTgTATC AAATTTTGGa	1020
	TACCATT	1027

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 386:

30	(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
	(A) LENGTH: 1006 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
35	(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 386:

40	AAGGnTTGGA GGAATTAAT nGATGGCAAA TCCCAGaTAA AGTACACaAC GCATGGAATG	60
	TGATGCATTT AATATTCCA GTAGTTAGTA CGACGTTTGC AAGCTTTAAA TCTATGTATG	120
	GGGGCATACC AAAAGATTTC ATAGACTACT TATTTATTGA TGAAGCAGGA CAAGCAATAC	180
45	CTCAAGCAGC TGTGGGAGCA TTATATCGTT CAAAAAAGT TGTAGCTGTA GGTGATCCGA	240
	TTCAAATAGA ACCGGTTGTG ACTTTAGAAA GTCATTTAAT TGATAACATT CGTAAAAATT	300
	ATCATGTTCC GGAATATCTA GTTCTAAAG AAGCTTCTGT GCAGTCTGTT GCAGACAACG	360
50	CCAATCAATA TGGTTTTTGG AAATCTGATG CTACTGATAG TAATCAAAAA ACCTGGATAG	420
	GCATACCTTT ATGGGTGCAC AGACGATGTT TAAACCTAT GTTCACGATa GCTAaCCAAa	480

55

GGTATGACGT TAAAGGAAaC GCAGTTCAAA AACAAATTTGT GAAAGAGCAT GGTGAAAAaG 600
 TAGTGGGATT ATTAGCTGAT GATTGGATTG AAGCAATTAA GGAAGGTAAA AATGAACCGA 660
 5 GCTCATTGT AATATCGCCT TTTTCAGCAG TACAGCAACA GATTAAACGT ATGTTAAAGC 720
 AACAACTACC GACTAGAATT GATATTGAAC GTACAAAAAT TAATCAATGG GTCGATAAAT 780
 CCATTGGTAC TGTTCACTACT TTTCAAGGTA AAGAGGCTCA GAAGGTGTAT TTTGTAATAG 840
 10 GTACTGATAA TACCCAAGAT GGTGCTGTGA ACTGGTCATG CGAAAAACCA AACTTGTTAA 900
 ACGTTGCAGT GACAAGAGCT AAGAAAGAGT TTaTGTAATT GGCGACATGC AAAGAATACA 960
 15 GATGAaACCA TTTTATGAGA CGATTTTTTAn AGnAAGAAAT GTAAAA 1006

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 387:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 662 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 387:

CGTTTCATCA AGTnATCGAT CCTAATTTAC AAAATATTCC GGTTAGACTT GAAGAAGGGC 60
 GTAAAATAAG AAAAGCCTTT AAACCAACTT CAAAAGATAG CGTTATATTA TCAGCAGATT 120
 30 ATTCTCAAAT TGAATTGCGT GTATTAGCAC ACATTACACA AGATGAGAGT ATGAAAGAAG 180
 CATTTATCAA CGGCGATGAT ATTCATACAG CAACTGCTAT GAAAGTATTT GGTGTAGAAG 240
 CTGATCAAGT CGATAGTTTA ATGCGTCGTC AAGCAAAAGC AGTTAACTTT GGAATTGTTT 300
 35 ATGGGATAAG TGATTATGGT TTAAGTCAAA GTTTAGGTAT TACTCGTAAA AAAGCAAAAG 360
 CATTCATTGA TGATTATTTA GCTAGTTTCC CAGGTGTAAA ACAATATATG TCTGATATTG 420
 40 TAAAAGATGC CAAAGCTTTA GGTTACGTGG AAACATTGCT ACATCGTCGA CGCTATATTC 480
 CTGATATTAC GAGTCGTAAC TTTAATTTAC GCGGCTTTCG TGAACGTACT GCTATGAATA 540
 CGCCAATACA GGGCAGTGCT GCAGATATCA TTAAACTGGC AATGGTTAAA TTTGCTCAAA 600
 45 AAATGAAAGA GACAACATAT CAAGCTAAAC TATTATTACA AGTACACGAT GAATTAATTT 660
 TT 662

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 388:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 669 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 388:

5 TCATCCAAAT TTTGGAAATT CCACATTTTA CATATCGTAA TTTTITAGGA AACTAGTGAA 60
 TATAACAAAT CCTCCTCTC ATTTTAAAA TAGATATATC ACTTCCCCAC TTTTACTTAA 120
 CTAAACTGCA ACGGTTCTTA ATACCAAAAT CCTGCCCTCT ATTTTATCA ATTCAAGCAT 180
 10 ACTTATTGAA AAATGTAAAC GTTTCCTTGA TAATCATTGT AAGCGCATTT ATTTTATAAA 240
 CTAACGTTTG AAATATACTA CAGGAGTGAC ACGTAATGAC TCAAATTACT GAAAAAGAAT 300
 TAAAAAGAA GTATTTAGAT TTACTATCCC AAAATTTTGA TACTCCAGAA AAAGTTGCAA 360
 15 CTGAAATTAT CAATTTAGAA TCAATTTTAG AATTACCTAA AGGTACGGAA CATTTCGTCA 420
 GCGATTTACA TGGTGAATAT GAAGCTTTCC AACACGTATT ACGCAACGGT TCTGGGAACG 480
 TGCGAGCGAA AATCAATGAT ATTTTCAAAG AGAGACTTTC AACTAAGGAG CTTAATGACT 540
 20 TAACTGCTCT TGTCTACTAT CCAGAAGrCm AATTtAAAAT TgATTAAAAG TGATTTCCAA 600
 AATTgCGGtC mActTAATGt CyGGtATATC ACaACmATCG aACATTTAAT TGAGTTAATT 660
 25 AAATATTGT 669

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 389:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

30 (A) LENGTH: 1249 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 389:

35 CACATGGCTG TTAGAGATAT GAATGGCCAT GCGTTACCTT TAACAAAAGA TGGCAATTTT 60
 TATCAAACGA ATGTAGATGC AAATGGTGTT AATCATGGTG GTAGTGAAAT GGTGCAAAAT 120
 40 AAAACAGGTC ATATGAGTCA ACAArGCCAT ATGAATCAGA ACACACATGA ACCAACAGCC 180
 ACACATGCAA CAAGGTCATA TGCAATCATC AAACCATCAA ATGATGAGTC CAAAAGCAAA- 240
 45 TATGCATTCA TCAAATCATC AAATGAACCA AAGTAACAAA AAAGTTTTAC CAGCTGCTGG 300
 TGAAAGTATG ACATCAAGTA TTCTTACTGC AAGTATTGCC GCACTACTAT TAGTATCTGG 360
 GTTATTCTTA GCATTTAGAC GACGTTCAAC AAATAAATAA ACATAATACG ATTAATAATA 420
 50 GAAAAATCGT GTGATTATCT GaGGGAGCCT AGGACATAAA TCAATGTCCT AGGctCnCTA 480
 AEGTTATATT GGCAGTAGTT GACTGAATGA AATTGCGCTT GTAACAAGCT TTTCCATTTT 540

55

CGATTGTCTT ATACGTGTCA GTGTTAATTC AGATATTTCC TGTGGAATAT ACCACTTATT 660
 AATCATAATT GGATAAGGTG tTTGTGCGTA CAGTGTTCa ATAATCAGCC AACAATGTGT 720
 5 ATCACCAtCA AACACGTGAC TATGATTTTtK GAAGTGGGGC GCTTTGGTAA TAGACATTTT 780
 TAAATCTGAT TGATATGCAT TGCTATAAAT CGTTTGCTCA ACGAATGTCT TCATGTCGTC 840
 TTCGTTTTGT GTATTCACCTT TAAATGTGTC AATGACATTT AACGGTATAA AGGTAAAGCA 900
 10 AAATGCATCA GCTTGCTTAG AATGATTGTC CTTTTTTTGA TAATAGCGTT CCATTGCAAT 960
 GACGGCAGAA GGATGGTTTG CAAACAAATG ATTTGTATAT TCACTTTCTA AATCAACACG 1020
 ATAATTAATT GATGACATAG ATACGCGAGC TAGCAATATT TGATCAAGTG GATGCTTAAA 1080
 15 TTGATCCATA CTTGAAGCGT GTTGGGCATT TGTTTGTGGA ATAACAAAGT GTCCCTTCCC 1140
 TCTTGACTC TCTACGATGC CATCTTCGGC TAACAATTTt ATAGCTTGGC GCAAAGTCAT 1200
 20 ACGACTGGAC ATCAAAGCGC GCACAAAGTT CTTTTTCAGT AGGTAATGC 1249

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 390:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1788 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 390:

AATGATGATT CATTCAAAGA AATTAACGCT CGGTATATGC TTGGTATTAC TCATTATATT 60
 GATTGTAGGT TATGTCATTA TGACAAAAAC AAATGGTCCA AACGCCCAA TTAAGACAC 120
 35 ATTTAATCAA ACATTAAAT TATATCCAAC CAAAATCTC GATGATTTTt ACGATAAAGA 180
 AGGCTTTTGA GATCAAGAAT TAAAAAGGG TGATAAAGGT ACTTGGATAG TTAATTCTGA 240
 AATGGTAATC GAGCCAAAAG GTAAGGATAT GGAAACGAGA GGAATGGTGC TCTATATCAA 300
 40 TCGCAATACT AGAACCACAA AAGGGTATTA TTTTATAAGT GAAATGACAG ATGACAGTAA 360
 CGGCAGACCA AAGGATGATG AAAAAAGGTA TCCGGtAAAA ATGGAACATA ATAAAATCAT 420
 ACCAACGAAG CCACTACCGA ATGACAAGTT AAAAAAGAG ATTGAAAAC TTAAGTTCTT 480
 45 TGTACAATAT GGCAACTTTA AAGATATTAA TGATTATAAA GATGGTGATA TTTATATAA 540
 TCCTAATGTA CCAAGTTATT CGGCAAAATA TCAATTGAAT AATGATGATT ATAATGTCCA 600
 50 ACAGTTaAGa AAAAGATATG ATATTCCAAC CAAACAAGCG CCGAAACTAT TATTGAAAGG 660
 CGATGGAGAT TAAAAAGGTT CATCCGTAGT TctAGAAGTC TTGAATTTAC CTTTGTGCAA 720

AGGTATGAGT CAAACTGAAT ATCAAATAAA ACCTGGTAAT ATAACAAGTA ACTCTGAAGA 840
 AACAAAGTTG ATATCTAAAG TGAGCTGTGA AATATAGGTA GCCATTTCAA AAAATTTAAA 900
 5 GGTGAATTTG ATAATGTAGC TCAAGGAGAT TGGGTAAAAA AGGCGAAGAA TGAAGTGGAT 960
 GATATTAGTA AGAAATTTAA AAATATTCAA AGAACGGAAG TTTAATAGCT TATATGATTC 1020
 TTGGAGCTAA GACAGCATGC GTTCATTCAT GCCATTATTA ATATAAGCAC CGCAACAAAA 1080
 10 AAGCTTCTAA TGTGATACAG GAACCTCATA TTCCGTATCA TGTTAGAAGC TTTTAATGTC 1140
 TAAAGAACAT CTACATTTTA TCATATTTTC TGAATTATTA AACTTTTATA TAATTAAATA 1200
 TTTCTTAATT TTCCAAAATA GTGATAAATT TGTGAAATAC ATCACAAATC CCTTTATTTA 1260
 15 TTTGGAATT CATGTAATAT TAGACTTGTA AGAAGTTAAT AAATAGAGAG AGACGAGAGA 1320
 GTTTATATAA ATACTATATA AACATTGGAG TGATGATTAT GAGAAAAGAG ATTGAAGCGC 1380
 TTATTTTCTC AGACGTAATA GCTATGATAT TTACGTGAAC ACTGGTGTA ATCAAGGATT 1440
 20 AATTGGTGAC ATCAAAGATG GTTACCTAAC TATTGATTCT ATGCCTTACA TTGATGCTGA 1500
 GCGTTTGAT CACTTTGCTA TGGAACGTAA ATCGTTAGTC ACTAACTAGT TCTTATTGCC 1560
 25 AATGATTACT ACCCCTAGTC GCGGCAATT GAAGTGTGAT TGATGTAAT TGCCCTCGTT 1620
 GGTGAGCAAT TGAGGGCAGA CCCCTTTAAT TAAGTAAACC CTAACCTCCC ACAATCTGG 1680
 AACGATACTA AAAGCCACGT CCTATATTGG ATGTGGCTTT AGTCAKACTT ATATTATTTT 1740
 30 TAAAACGATT ACCTACAAGA TTTACATATA AAATTCTATC ATGnCTGC 1788

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 391:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2407 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 391:

GCAAGTTTAG TTAAACAGAT ATTAAAACCA GATCAATATA CAGATGCAAA TTCTCTATTA 60
 45 GAGATTAGTT TGCAACAGG TATGTTTATT GCAGGTGGAT TATCAGGAAT ATTATATAAA 120
 ATAAATGGAT TCACTCTAAT TATAGCGATG ACTATAATGA TGTCTCTAAT CAGCATTTTTT 180
 ATGTTATTTA GATTGCATGT AGATAAACCA ACTCATTCAG AGGAAGAATC AACAAATAGC 240
 50 TTATTGCAAG AATATTTTATT AGGATGGAAA TTTTAAAAG ACAACATGAT GATATTTTATT 300
 TTTGGAGTTA TTTCAATCAT ACCAATGGTG TTTACAATGA TCTTTAATCAT ATCATTACCA 360

	TATGGCATTG GAGGATTATG TGCAGGTTTA ATTTACAGCTA TTCTTTCGAA GAAAATCTCA	480
	ACTAAAGTAT TGATATTTTT GTTATATTTT ATATTAGTCA TAAATTCAGC ACTATTTATT	540
5	TGGATAAACT CAGCATTTTA CTTATTCATA GGATCATTTA TACTAGGCTA CTCAATTTCA	600
	TCAATCAGAA TTTATATGAA TACAGCTATA ATGAACACTG TTTCAGATAA ATATGTCGGT	660
	CGTCAATTTA CGATATGGAC GTCAATTTCA TTGTTACTGC AAAGTTTAAT TGCTCCATnT	720
10	TTAGGAAGAT GGATTAATGA AATTAATGAT AAATTCGGTT TCTATATTAT ACTCATTTTA	780
	TCCTTACTCA TATTTGTaCA CTGCTGCTTG TTAACAAAAC AGACAAAATA AAATATGCAC	840
	ATAAAGAAGA GTGACCGTCA CTCTTCTTTA ACAAGCGACC ATTTATCGaT GGGCTTAGTT	900
15	CTCTCTGCAC CCACACTTCA CTACTTCACT TTTTCAAATC ATTTTTTATG GTCTTAAATA	960
	AATCAGTGAG ATTTGTTGCT TCGGTAAAGT CTAGAATTAA TATCATTTCT TTAGAACCTG	1020
20	GATATGGCGA AACTAATGTA TTATCTTGCA ATTTCTGCTG GGCACTTTGA GTCGCCTTGA	1080
	CCAATAATCT ATTATCATAC AAACCACCTA TAACCACGCC ATCATAATAA ATAATATATT	1140
	CTCCCATCAT CTTTCTTGTC TTAACGCGT TTGAATTCAC ATGATTTAAA AATAAATCAT	1200
25	GTACATCTTT CTTAGTCGCC ATTGTAATCG CTCCTTCAGT TTTATGTTTA ATCACATTCG	1260
	TATTAATGAT TCATTTCTG TGCTCTTAA TTTTATCTAT AATTATATGC GTAGTTAAAA	1320
	TCAAACCTAT GGAAAAGAAA ATAATGATAA CAATGTTAAG AAATATAGTT ATAAAATTAT	1380
30	AGTTTGGAAG GTATGCGAAT AGCAGAAAAA TAGGTATCGC AAAAAATAAA TCCCACCAAC	1440
	CTAAACTTTT TAAAGAATGC TTTAAACCTT CCATAATATC ACCTTTATAA ATTTGTCTTT	1500
	GTTATAAGAT AACTAAAAAA TCGCTTTACT GTAAAAGTAG CCAAAGAAAA TTCTGAATCA	1560
35	TATTCATAAG TAGTGTATCA TTAATAATGA ACAATTTAAT ACTATAATCC TTGATCTTTG	1620
	TATTGATCAA CTTACCACAA CATTTATTTT AGACTACTCT TAGACTTCCC TTTCAAATGG	1680
40	TTGCATCTAT TGAAATTCCT TTTGTATAAG TTAGGCTTTT GTGGTAATAT CATCATGCAT	1740
	AAAAAATCGA GATACTAATT ATAAAGAGGG TATAAATATA TTATGAAAGA AAATTTTTGG	1800
	AGTGAATTAC CACGTCCATT TTTTATTTTG GCGCCAATGG AAGACGTTAC AGATATCGTC	1860
45	TTTCGACACG TTGTAAGTGA AGCAGCTAGA CCGGATGTGT TTTTCACTGA ATTTACAAAT	1920
	ACTGAAAGCT TTTGCCACCC TGAAGGCATA CATAGTGTGC GCGGACGCTT AACTTTTAGT	1980
	GAAGATGAAC AGCCGATGGT CGCTCATATA TGGGGAGATA AGCCAGAACA GTTCCGTGAA	2040
50	ACGAGTATTC AATTAGCTAA AATGGGCTTT AAAGGCATAG ACTTAAATAT GGGATGTCCT	2100
	GTAGCAAATG TTGCTAAAAA GGGTAAGGGT TCCGGCTTAA TCTTAAGACC TGACGTTGCT	2160

55

GGCTACTATG AAATCGATGA ATGGAAAGAT TGGTTGAAGC ACGTCTTCGA ACAAGACATT 2280
 GCCAATTTAT CTATTCATCT TCGTACACGT AAAGAAATGA GTAAAGTAGA TGCACATTGG 2340
 5 GAATTAATCG AAGCTATTAA AAATTTACGT GACGAAATTG CACCAAATAC ATTGTTAACA 2400
 ATTAACG 2407

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 392:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2424 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 392:

ATGATGnATG GChCCGCCAA GAAGTTGAAC CAGTCTATTG GCTAGAATTG CTCAAAAAGC 60
 GAGAcATGTG GTATTCaTAT GTTaGTAgCt ACGCAAAGAC CATCTGTCAA TGTAATTACA 120
 GGTTTAATTA AAGCCAACAT ACCAACAAGA ATTGCATTTA TGGTATCATC aAGTGTAGAT 180
 25 TCGAGAACGA TATTAGACAG TGGTGGAGCA GAACGCTTGT TAGGATATGG CGATATGTTA 240
 TATCTTGGTA GCGGTATGAA TAAACCGATT AGAGTTCAAG GTACATTTGT TTCTGATGAC 300
 GAAATTGATG ATGTTGTTGA TTTTATCAAA CAACAAAGAG AACCGGACTA TCTATTTGAA 360
 30 GAAAAAGAAT TGTTGAAAAA AACACAAACA CAATCACAAG ATGaATTATT TGATGaTGTT 420
 TGTGCATTTA TGGTTAATGA AGGACATATT TCAACATCAT TAATCCAAAG ACATTTCCAA 480
 ATTGGCTATA ATAGAGCAGC AAGAATTATC GATCAATTAG AGCAACTCGG TTATGTTTTCG 540
 35 AGTGCTAATG GTTCAAAACC AAGGGATGTT TATGTTACGG AAGCAGATTT AAATAAAGAA 600
 TAATTATGAG TAAGGAGTTT TATATAATGA CACACTATCA TTTGTCGGA ATTAAAGGTT 660
 CTGGCATGAG TTCATTAGCA CAAATCATGC ATGATTTAGG ACATGAAGTT CAAGGATCGG 720
 40 ATATTGAGAA CTACGTATTT ACAGAAGTTG CTCTTAGAAA TAAGGGGATA AAAATATTAC 780
 CATTTGATGC TAATAACATA AAAGAAGATA TGGTAGTcAT ACAAGGTAAT GCATTGCGGA 840
 45 GTAGCCaTGA AGAAAcAGTA CGTGCCATC AATTGaAATT AGATGTTGTA AGTTATAATG 900
 ATTTTTTAGG ACAGATTATT GATCAATATA CTTCAAGTAGC TGTAAGTGGT GCACATGGTA 960
 AAACCTCTAC AACAGGTTTA TTATCACATG TTATGAATGG TGATAAAAAG ACTTCATTTT 1020
 50 TAATTGGTGA TGGCACAGGT ATGGGATTGC CTGAAAGTGA TTATTTGCT TTTGAGGCAT 1080
 GTGAATATAG ACGTCACTTT TTAAGTTATA AACCTGATTA CGCAATTATG ACAAATATTG 1140

TGGCACATAA TGTTAAAAA GGTATTATTG CTTGGGGTGA TGATGAACAT CTACGTAAAA 1260
 TTGAAGCAGA TGTTCCAATT TATTATTATG GATTTAAAGA TTCGGATGAC ATTTATGCTC 1320
 5 AAAATATTCA AATTACGGAT AAAGGTACTG CTTTGTATGT GTATGTGGAT GGTGAGTTTT 1380
 ATGATCACTT CCTGTCTCCA CAATATGGTG ACCATACAGT TTAAATGCA TTAGCTGTAA 1440
 TTGCGATTAG TTATTTAGAG AAGCTAGATG TTACAAATAT TAAAGAAGCA TTAGAAACGT 1500
 10 TTGGTGGTGT TAAACGTCGT TTCAATGAAA CTACAATTGC AAATCAAGTT ATTGTAGATG 1560
 ATTATGCACA CCATCCAAGA GAAATTAGTG CTACAATTGA AACAGCACGA AAGAAATATC 1620
 CACATAAAGA AGTTGTTGCA GTATTTCAAC CACACACTTT CTCTAGAACA CAGGCATTTT 1680
 15 TAAATGAATT TGCAGAAAGT TTAAGTAAAG CAGATCGTGT ATTCTTATGT GAAATTTTTG 1740
 GATCAATTAG AGAAAATACT GGCGCATTAA CGATACAAGA TTTAATTGAT AAAATTGAAG 1800
 20 GTGCATCGTT AATTAATGAA GATTCTATTA ATGTATTAGA ACAATTTGAT AATGCTGTTA 1860
 TTTTATTTAT GGGTGCAGGT GATATTCAAA AATTACAAAA TGCATATTTA GATAAATTAG 1920
 GCATGAAAAA TCGTTTTTAA TATGTTTATA ATAGAGTAGT ATGGGTATTT ATTATTAATG 1980
 25 ACATTATTAC ATGTTAATTA GGAGGCGTTT TTAATGGATT GGATTTTACC AATTGCTGGA 2040
 ATTATCGCTG CGATTGCATT CTTAATTTTA TGTATCGGTA TCGTAGCTGT ATTAAATTCT 2100
 GTTAAGAAAA ACTTAGATTA TGTTGCAAAA ACACTTGACG GTGTAGAAGG TCAAGTTCAA 2160
 30 GGTATTACTC GTGAAACAAC AGATTACTT CATAAAGTAA ACCGTTTAAAC TGAGGATATC 2220
 CAAGGTAAAG TAGATCGTTT AAATCAGTT GTAGATGCTG TTAAAGGTAT CGGTGACTCA 2280
 GTACAAACGT TAAACAGCTC TGTAGATCGT GTAACAAATT CAATTACACA TAATATTTCT 2340
 35 CAAATGAAG ATAAATCTC ACAAGTTGTT CAATGGTCAA ATGTTGCAAT GGAAATTGCA 2400
 GACAAATGGC AAAATAGACA CTAC 2424

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 393:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 738 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 393:

50 CnATAATATT CnTCAAnCCT TTAAATAGAG GAATAGACTG CCGACAGAGT CCGAGACTTT 60
 GTGGGTAGTT TTTTGTAGTT TGATAACGGA AGTTAGAGGC TCTCTGTCAA ATTGGGCAGA 120

AGTGTAAGT TTTCAACATA ATACTATTAG TTCGGTCATG TATCGGACTG ATGGAAAAGC 240
 GTTTCACTTT TAATGACTCA TTAAGAACGG CCTGAAAATG TTTGGCGTAT TAACTGCAAT 300
 5 GATAGTTTGT ACATTTAGTT TCTAATTGGT CATTACTGCC GAGCAAATCT AGTAGAGTAA 360
 TCATGTAAAT CTTTAATGTG CCATTGATT CACTAGCGGT GTTAATAACT ACGGAAATTG 420
 CATTTCCGAC TGAAATTTTT GAAAAATATC AACGTACGCT ACAAATAAAA TTTTAAACTG 480
 10 TTATAATGT GTCTCAATTT CATATGTTCA TCGACGATAT GAAGCGTATT ATGGTAAAAT 540
 GAAGAAATAA TAACTTGTT AATAAATAAA ACATCAGCAT TTGACTAAAG CACTTTATTA 600
 15 TTGTGTAGAT AATAGTTTTT TAACGAAATA AAAATGGCGA CTGGTTTTAA TAAATCAGCT 660
 AATGAATCAC TACACCTATA AGTATGAATA TAGTGATTAG AATGCTTTGT ATAGTTGGAT 720
 TTTGCAAAAT TGATGTTA 738

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 394:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1270 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 25 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 394:

30 AAAAGTTGTA ATTAAAAGTG GGATTTTACT TAAGnnAGAA GGAAACTATT TATATGACTA 60
 ATAAAAGAGn AGATGTCCGC AATATAGCAA TTATTGCTCA CGTTGACCAT GGTAAAACAA 120
 CTTTAGTAGA TGAGTTGTTA AAACAATCTG GTATATTGAG AGAAAATGAA CATGTCGATG 180
 35 AACGTGCAAT GGACTCTAAC GATATCGAAA GAGAGCGTGG AATTACGATT CTAGCCAAAA 240
 ATACGGCTGT TGATTATAAA GGTACACGTA TTAATATTTT GGATACACCA GGACATGCAG 300
 40 ACTTTGGTGG AGAAGTAGAA CGTATTATGA AAATGGTTGA TGGGTTGTC TTAGTAGTAG 360
 ATGCGTATGA AGGTACAATG CCTCAAACAC GTTTTGTACT TAAAAAGCG CTAGAACAAA 420
 ACCTGAAACC TGTGTTGTT GTTAATAAAA TTGATAAACC ATCAGCACGT CCAGAGGGTG 480
 45 TTGTAGATGA AGTTTTAGAT TTATTTATTG AATTAGAAGC AAACGnTGAA CAATTAGAAT 540
 TCCCTGTTGT TTATGCTTCA GCAGTAAATG GTACAGCTAG CTTAGATCCT GAAAAGCAAG 600
 ATGATAATTT ACAATCATTA TATGAAACAA TTATTGATTc ATGTACCAGC TCCAATTGAT 660
 50 AACAGTGATG AGCCCATTA AATTTCCAAG TAGCATTGTT GGACTACAAT GATTATGTTG 720
 GACGTATTGG TATTGGTCGT GTATTCAGAG GTAAATGCG TGTCGGAGAT AATGTATCAC 780

	GATTAAAACG TTTAGAAATT GAAGAAGCAC AAGCTGGAGA TTTAATTGCT GTTTCAGGTA	900
	TGGAAGACAT TAATGTTGGT GAAaCTGTAA CACCACATGA CCATCAAGAA GCATTGCCAG	960
5	TTCTACGTAT TGATGAGCCT ACTCTTGAAA TGACATTTAA AGTTAACAAT TCTCCATTG	1020
	CTGGCCGTGA AGGTGACTTT GTAACAGCAC GTCAAATTCA AGAACGTTTA AATCAACAAT	1080
	TAGAAACAGA TGTATCTTTG AAAGTTTCTA ACACAGATTC TCCAGATACA TGGGTAGTTG	1140
10	CTGGTCGCGG TGAATTGCAT TTATCAATCC TTATTGAAAA TATGCGTCGT GAAGGTTATG	1200
	AATTACAAGT TTCAAACCA CAAGTAATTA TTAAAGAAAT AGATGGTGTA ATGTGTGAAC	1260
15	CATTGAACG	1270

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 395:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1365 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 395:

	AAGACCAGGA GAACaGTAA AACAATATAC AGTTGaATC GCTCGTAAAT TAATGGAATT	60
	TGATATAAAA TGCTCGTGAT TGCTTGTAAG TACGCAACTG CTGTnGCTTT AGAATATTTA	120
30	CAAAGACCT TATCAATCCC CAGTGATTGG CGTAATTGAc CAGGTGCTAG AaCAGCAATA	180
	ATGACTACTA GAAATCAAAA TGTATTAGTA CTAGGAACGG AAGGCACAAT TAAATCTGAA	240
	GCATATCGTA CGCATATTAA ACGTATCAAT CCACATGTAG AGGTACATGg CGTTGCCTGT	300
35	CCAGGTTTTG TGCCACTTGT AGAACAAATG AGATATAGTG ATCCAACAAT TACAAGCATT	360
	GTCATTCATC AAACACTGAA ACGTTGGCGT AATAGTGAGT CTGATACTGT CATTTTAGGA	420
40	TGTACCCACT ATCCATTGCT CTATAAACCT ATCTATGATT ATTTTGGTGG TAAAAAGACA	480
	GTGATTTTCGT CTGGATTAGA AACGGCTCGT GAAGTTAGTG CATTGCTAAC ATTTAGTAAT	540
	GAACATGCAA GTTATACTGA ACATCCAGAT CATCGATTTT TTGCAACAGG TGATCCTACT	600
45	CACATTACTA ACATTATCAA AGAGTGGTTA AATTTATCTG TCAATGTGGA ACGTATATCA	660
	GTGAATGACT AGGAGGATTT TTAATGAAAG AGATTGTTAT TGCATCGAAT AATCAAGGGA	720
	AAATAAATGA CTTTAAAGTA ATATTTCCAG ATTACCACGT AATAGGTATT TCAGAACTAA	780
50	TACCAGATTT TGATGTGGAA GAAACAGGAT CAACATTGA AGAAAATGCT ATATTAAAAA	840
	CAGAAGCTGC TGCAAAAGCA TTGAATAAAA CGGTCATAGC TGATGACAGT GGACTAGAAG	900

GCGATGAAGC AAATATTGAA AAATTATTAA ATAAGCTTGG TAATACAACT GATCGTCGTG 1020
 CGCAATTtGT TTGTGTCATA AGTATGAGTG GCCCTGATAT GGAAACAAAA GTATTTAAAG 1080
 5 GTACTGTTTC AGGTGAAATT GCAGATGGAA AATATGGCGA AAATGGTTTC GGATATGATC 1140
 CGATATTTTA TGTACCGAAA TTAGATAAAA CCATGGCTCA ACTTTCAAAA GAACAAAAAG 1200
 GGCAAATTAG TCATAGACGA AATGCGATTA ATTTACTTCA AGCTTTTCTT GAAGGTGATA 1260
 10 AAAATGTCTA AATGGATTAT TGTGAGTGAT AACCATACTG AATCAGGCGT TTTATATCAA 1320
 ATTTATGAAA TGCACCCAGA TGCAGATGTA TATTTACATT TAGGA 1365

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 396:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1383 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 396:

25 AATTCCTGGT GCAATAATAA ATAGGATGAA AAAGATTCCG AAAATATGAT AACTCGTAAT 60
 CATAGCAACA TCGGCACCAG TAGCTAATGC AACTAAAAC ATCTGATTAA CCCCTCCTGG 120
 TGCTGCACCA AGaACAATT CATTAAATAGG ATTATTATCA AAGAAATGTA TGATATAAAC 180
 30 CATGATTAGC GCACCAATTA TCAACATAAT ATTTTGAATT GTAATTGCGA TTGCTAGTCT 240
 ACCTTTTAAA TCTGACAATA AATGCGCAAT TTGAACTCCA ATTCTAATCA TATATATTAG 300
 TTGTGCCATG TTCAACAACC AATGATCTAG TGTAATGTT AAACCTGTAG AAAAATTCCA 360
 35 AACAATTAAT ACAATGAGTG GTGCTAATAA TTGAAATGTT GGAAACTTTA TTTTAGACAT 420
 AATTAGATAA ACTATAAAGA TAGCTATCGC TAAATAACT ATTTGCCCTA TGTTTAATAC 480
 TTGTGATAAA GGCAAGACTT TTGTAACTT TCCATTGCGA TGCATGTTAC CATCATGAAA 540
 40 AAAATATGAA ATGAACGGTA CTAAAACAAC AACAAATATA ATTCGTGATG TTTGCGTTAA 600
 GCTAACAACT AACAAATTAG CACGTTTGTC TTGTTGAGCC ATGACCAGCA TTTGTGTTAG 660
 TGCTCCTGGT ATAACACTTA AAATAGCTGT TTCTGTATTA ATACGTGCAA TTTTTTTAAA 720
 45 AACAAATGCC ATTACTATTG CAATTAATAA TATCGAAATA GATACAACAA TAATCGAAAG 780
 CCAATTGTTT TTAATATCCA TAACGACATT TTTCGTAAAC GTTGATCCGA TTTGCACACC 840
 50 TAATAGTACA ATACCTAATT CACTAAGTAA GAATGGCCAT TTAATATCAA GTTTGAAAAC 900
 TTTTACACAA ATGATTGATG CGATAATAGG ACCAAACATA AATGGAAGTA ATACGTGCGA 960

TATCATTGCC ATGTTTTCCA CTTCTTTCAA TAAAAAATAA AATGACTAAA TTGCTGCTTG 1080
 AGCTTCACGT TTGTTAAGAT AACAAATATCC GCTAGCAGTT tTGA CTACAA AGCATATATG 1140
 5 GaCTTTCACT ATCAAGTCGC CGCCCATGCC TTATATACAT TTAAAAGAG CCTGAACAAA 1200
 GTTCAGGCTC TCAATTTGTC CGTATATTTA TTTTACAATA CGACTTAAAG CCGTATCAAA 1260
 TGCTGAATC GTTTTTCAAT ATCTTCTTTC GTGTGTGCCG TAGATAAGAA TGTACCTTCA 1320
 10 AATTGAGATG GnGGnAAAAA CACACCTCTT TgNCATTCTC GGTACATTTT TGCAATAATT 1380
 TCC 1383

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 397:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 415 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 20 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 397:

25 TCCACTAaAa TGATTACAAT TGCATTAGTT TGGTGGAGTG CATTTACAAT CTTAACGGGT 60
 ATGATTAAGA ACCACGGTTT AATTaTTTAG TGAGATTCTT ATTTGGTGTA GGTGAGGCGC 120
 CAATGTACCC TTCTAATGCT GTGTTTAATT CATTTTGGTT CTCTAAAAAT GAAAAAGGTA 180
 30 GAGCATCAAG TGCATTATTA GCAGGATCAT ATTTGCGACC TGTATTAGCA CCAATAGTTA 240
 CAATTGCTAT TGTTAACGCA TTTAAGTGGC AAGCAGTATT TTACATTTTT GTTGCAGTAG 300
 GTATTTTAAT GGckGTATtA TGGGCGATTA TTGCCAAGA CTTACCTGaG CrACATAGwa 360
 35 TGGTTAATGA AGCGGAGAAA CGTTTCATTA TGGAAAATCG TGATATCGTA GCTAC 415

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 398:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 40 (A) LENGTH: 1141 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 398:

TTTTAGaTaA aTyCAATTnT CyATaCTaAA TgATTnTCTT ATTaCGTCAA TTcGCCTTTT 60
 aTTTTATCGT AATCTTTCCa CTGCAAAGCT AAAGCTTCTC CTATTCTAAG ACCAGAATAA 120
 50 AATAACAGTC TAGTTAGCTG ACGAGAAGTA TCATTTGTGA TTTGTCTAC TTTTTCATCA 180

AATGTGGGGT CGTATAAGAG CTGTGAATGC TTTTGGCGT AATTGATAAC TGCTTTAAAA 300
 CCTGCCCCACA CAGATCGTGC ATAGTCAACA GAAAGACCTG CATCGTTTAA CAAATAATTC 360
 5 CTGAAAGCAG TACATTGCGT AGTAGTGATT TTGCCAATAG GGATAATTCC GAACCTTTCT 420
 TTTATGTGAG TATTATATTC TGTAGTTCGC TTTTCTATTG AGCGTGCAGA AAGATTTTCA 480
 TTTTAAAC GATCAAAAAA TATATATTCA AAGGGTTGAT TGTCCGAGTA TCCATATTTA 540
 10 ACATTTTGTA TAAATTCGCT TTCAGCTAGT TTGGCATCTT TCTTACGTTT AAACCCACGC 600
 TTCATTTTTC GTTTGTTATT ACCGTATACA TCTTTATATC TAATGGAAAA ATACCATTTA 660
 CCTGTATTAT CATCCTTATA TACTGGCATT TTGCTTCTCC CTCCTCAAAA TTGGCAAAAA 720
 15 ATAATAAGGG TAGGCGGGCT ACCCGAAATT TAGTACTAGG TACTAAATGT GATATAATAA 780
 AATAAAAAGT AGGTGATGTT ATGACATTTA AAAACAATCA TAATTTCAAT GAATTAGTTT 840
 20 TAACGAATGA AGACATTAGA ATTTTAAAAA ATGTCTTAGA AGATGCAGTC AGTGTTTATG 900
 ATGAATATTC GGTATGTAAT GAAGAATCCG ATTTTGCTTA CTGTTTATTA AGAGACTTAT 960
 ATACATTAGA CAGCTTAGCT ATTCGTCAA ATAATGTTTG AATTATCGAA TTGTACTCTT 1020
 25 CGATTTTAAT ACCATGCATA ATAGAGTTTC TGTGTTCAAT AGCAGCTTTG ACTGAATGtK 1080
 TTAATGTTTC TTCTATTAA TCGTTGTTTt CCAtTCGtK TAaAAATGtT CyTATATTCC 1140
 T 1141

30 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 399:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 706 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 35 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 399:

40 ACTGTGGTAG GTTTTTTATT TTGAAGTATT AATCATAACA GACTAATAAT CATGAGGTAA 60
 CTAATAACAC ATATTAACT TGTATTCTTA AACTGGTATA ATAAATTTAT GTTGAAATGA 120
 ATATTGTATG ACAGGTATT CACTTTTATT AAAAGGTAAA ATTAAATAAA GGTTTTATAG 180
 45 AACGTATTTA AATATATGAG GAGTAAACAA ATGGCTGATA GAACGAATAA AGAAATTAAA 240
 ACAGGACGCT TTATTGCAAC TGCATCAATC GTATTCTCAA TATTATTGAT TATTCATTAC 300
 TTTGTTTCGT TGGATAATGC GACTGCCAAA GCATTACTTA ATTTAACGAA TCAAAACACT 360
 50 TCAGATAAAG CGATTGATTA CATTTTAAAC AGCTTTAGAT TCACTGGTAT TATGTATATT 420

55

ATGTTTGCAG TTTATGTATC AAATAGTTTG TTTACGTTGA TTAATTTATC AATCACAATT 540
 CAAGCAATAA AAGCTGCACA CGGTGCGTAC TTAACATTGC CAATTTTAAT TGTTATTATA 600
 5 GGTTCGGTTG CATTAGCGAT TTATATGCTT GTTGTCTTCTA TCAAACGTAA AAGTACATTT 660
 AATCGCTAGA AAATTGATTT TAACAATAAA AATATGAAAA AAAAnn 706

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 400:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1187 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 400:

20 ACACAATCTG AAGATTCACG TTGTGGTGCT GGACATGATC GAAAAATTAG AGCTGAACAA 60
 ATGAnAGAAA TCAGTGATTT TGTAAAAAG AAAAATATCC CTAAAGATGA AACGGTATAT 120
 ATAGGTGGCG ACCTTAATGT CAATAAAGGC ACTCCAGAGT TCAAAGATAT GCTTAATAAC 180
 25 TTGAATGTAA ATGATGTTCT ATATGCAGGT CATAATAGCA CATGGGACCC TCAATCAAAT 240
 TCAATTGCGA AATATAATTA CCCTAATGGT AAACCAGAAC ATTTAGACTA TATATTTACA 300
 GATAAAGATC ATAAACAACC AAAACAATTA GTCAATGAAG TTGTGACTGA AAAACCTAAG 360
 30 CCATGGGATG TATATGCGTT CCCATATTAY aCGTTTACAA TGATTTTCA GATCATTACC 420
 CAATCAAAGC CTATAGTAAA TAGTGCTCAA CTAATAATA ACTTGCTCG TTCTAAAAGG 480
 35 ACGAAGCGAG TTATATTGTT AAAATTTGAA TTGACTTACA TTTTAATAAA ATCATCTTAA 540
 CAACTTTAAT TTTTCaTTAA TACaGTCTT TACTCTACAC TCAAACnAGA TTCATACACT 600
 GCACGTCATA ATAAATCTAT CTATTCAAAT ATAAATAAAA GTTACCTACT ACATTCTATG 660
 40 TAGCAGGCAA CTTTTATTAC TTATTTCTTT TCATTATCAT TAAGTACTTT TACAACTTC 720
 ACATTATGTG TCTTCCAATC AACTTCATAT AATGCTGATA ATTTTCTTC TTTTTTATCT 780
 ACATGGTTTT CACCAGACCA ATAGCCCCAG AAACCATGGC GATTCCAATC TATTTTAAAC 840
 45 TCATCCATTG ATCTTTTATA ATGAACAACA AATTGTGATT TACCTTTGTC TTTTTTATCA 900
 TGTGACATAA CAGCTAAAAA TTCTGGATTA AACCCCTCAG ACACAGTTAC AGGCATTTTG 960
 TCTTTAGGTG TGAAATTATC TTTGCCCCAT AAATTTCCAT TTCGTGTTAA AGAAAAAATT 1020
 50 TCACTTTTAG TTCTATTATC ACTATCATTG GTTAATTGTC TCGTATGGTC ATGTCCCATA 1080
 TTATTTATCA AATGTGCTTC TACTTTCCAA CCTACACCTT TATGTGACGT AGATTGATCA 1140

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 401:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 847 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 401:

```

CCAGAATTAT TTTTTCAAAA AGGACAATTT AACAAATGTCG ATAACGTTAT CATAAGCAAA      60
CCGATGAAAG GGACAATGCC TAGAGGTAAA ACGGAaGCTG AAGATCAACA GTATTATAAA      120
ACATTGCAAA CTTCTTCGAA AGATCGTGCA GAAATGTCA TGATTGTTGA TTTACTAAGA      180
AACGATATAG GGAGAATATC ACAGAGTGGC TCAATTAAGG TGTATAAACT ATTTTATTATT      240
GAGGCATATA AAAGTGTATT TCAATGACT TCGATGGTAA GTGGAACTTT AAAAAATAAT      300
ACAGACTTAA CTCAAATTTT AACATCGTTA TTTCTTGTTG GTTCGATTAC AGGTGCACCG      360
AAACTGAATA CAATGAAATA TATTAAACAA TTAGAAAGTT CACCTCGTGG TATATACTGC      420
GGACAATTGG ACTATTACTT CCAACTGAAG ATGATAAAAT GATTTTTAAT ATTCCGATTG      480
GCACTATTGA GTATAAATAT GGACAAGCGA TTTATGGAGT CGGAGCAGGT ATTACAATTG      540
ATTCTAAGCC AAAAGATGAA GTGAATGAAT TTTACGCAAA AACCAAGATT TTGGAGATGT      600
TATAATGCAA TTATTTGAAA CAATGAAAAT TGATAATGGA CATATCCCTA GACTTACTTA      660
TCATACTAAT CGCATAAAAT GTTCTTCTGa GCGATTAAAC TTTAAATTTG ATGAACATGC      720
ATGGCGAAAT GAATTAAACG ATGTAACAAC AAAGTATCAC AGTGGTCAAT ATAGACTTAA      780
AATCGTATTA AATGCTGAAA GCAAATTTGA AACGATAGTG TCACCTTTAC CTGAGAAAAG      840
TAGTTTTT                                     847

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 402:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 740 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 402:

```

TGAAGATGAA GCAGAAGCAG AAGACAATCT GCTACGAGTA CAATCGAAGA AAGAAGAAGT      60
GTATCGTCGA TTAAGTGCTT CTAAGTTAAC AAGCGTTCCT GAAAGTTTAT CATCATGAAA      120

```

GTTAAACAGT TAAAAGATAA AGTGTCTAAA ATTGTGATTC AAATGAATAC ATTTGAAGAT 240
 GAAGCAAATG ATGTTCTTGT TAATGCTGTT TATGCAGAGA AATTAATTCA ATATGGAAAT 300
 5 AGATATCGTA AGGACTATAG CAATGTTGAT AAGAGCTTAA ATGAAGCTGA ACGATTATTT 360
 AAAAATAATC GCTATAAGCg TCGGATTGAA ATTGCAGAGC AAGCTCTTGA AAGTGTTGAG 420
 CCAGGTGTTA CTAACATAT TGAAGAAGAA GTTATTAAAGC AATAGAAACT AGTATGTAGT 480
 10 TATACTTAAA TAATATGAGC ACTCTGTCAA ATTGGACTGA TGAGTTTAAT AATTGAAGTT 540
 AGCCAACGAT ACGTTGTCTA GCTTCTTTTT TATATGGATA AATGaAAGGG ACAATAAATA 600
 TAAATAGCAA TTGTTTAAAG ATAAACGTAA TCAAATGTGT TGTTTTAATT AATATAAGTA 660
 15 GTGAAAAAAG CATAATCACA CAGCTGTTTA AATAGAGTGA AATAGTCTAA TTCTTATTTA 720
 ATAAGTAGAA ATAAGATTAT 740

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 403:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 630 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 25 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 403:

30 ATGCCAATAA TTAAACCATG TAATAAATAT ACGTATAGCG TACGACTACC AATATAAGTA 60
 TATAATTTTT TCTTTGTTGA CATTAAATTT AGAAACGCAG TCATTGCGAT TAATATAATT 120
 35 CCATATAATA TAAGTCGTTT AAAAGGACTG AATATACTCT GTCCTTCATT TTCAAGTGAA 180
 GTATATGGTG AACTTCCCAA TAACCAATCT GCATTGATAG GATGAATCAC GTAAACGATA 240
 AAAAACAAAA TAAAGGTAAT GATAGATACT GGTATTAGTT TTTTATTTTT AAAAATAGCC 300
 40 GTATGTTTTT TGGTGAAAAT GTAACCTAGA TAAATATTG GGAAAAATAC GATTGTCCTT 360
 GAAATGCTTA AGTAGCTATC GATGTTATCT GAAAAACCTG CTCCAATAGA TATAATAATT 420
 GAAACTGATA GCACTTTATA TGGATTAAAT CTTCTAACTA TTAATAAAAT GACATGAAAG 480
 45 AAAAATAGCG TGATCAAAAA CCATAACGCA AATACTGGGT TAAAAGGATC AAGTTGTAAT 540
 TCGTCACTTT TACCTGTAA GAAATAATAA ATTGAAAAGA ATGCAAAAAA TATCATATAA 600
 GGTACTATCA AACGTTTTGA AATTTTTTCT 630

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 404:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 6254 base pairs

(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 404:

	ATTAAACGT TCAGTTTCTA AAAGTGGAAC AATCCAAGAA GTACGTAAAC GTGAATTTTA	60
10	CGAAAAACCA AGCGTAAAC GTAAAAAGAA ATCAGAAGCT GCACGTAAAC GTAAATTCAA	120
	ATAATTAATA CCTCTGTTGA CTCCCTCAAC ACGAATATTA ATTATATAAA ACAAACATCA	180
	CAAGTTAGTG TCTGACACTA ATATGTGATG TTTTGTGTT GTCAATTTTT AATTAAAAAA	240
15	AGTTATATAG TTTATAAATA ATCAAATTGA TATTCTATAG GTTCTTATAA CTATAAAGTA	300
	TATTCAATTT CATGTATAAT TAATGTGAGG GCGAGGTGAA ATTGTGAGTT ATAATAATTT	360
	TTTACAAATG ACAACTATCT TGAATCAAC GGCTGGAGAT ACTTGGGTTG AACAAAGTTAG	420
20	CAATATAATT GTTCAACCTA TTTTACGTT AATATTAACC TGTTTGACAT TCTTAGGATT	480
	TGTATATCAA CTTTACTCTA AAAAAATCAA TGCAGCTGGT ATTATCGCCA CATTATCATT	540
25	ACTTATTTTA TTTTGGGAT TTCTAATCCA AGGAAATGTC AATATGCATT CTATCTTAAT	600
	ATTCTCAATT GCGGTTATAT TAGTTGTAAT TGAATTATTT GTAGTTGGTG CAGTAATTGG	660
	TATTATTGGC ATGATACTGA TAACTATAAG CATAACAACG CTCGGTGATA ATTTGCTATT	720
30	TATGCTTGCG AATGTTATCG TTGCCTTGAT TTTAACGATT GTAGAATGGG TGATATTAGT	780
	GAAGATTTTC AACAGAAAGA TTCCGTTTTT GGATAAAGTT ATCTTAAAAG ATTCAACTAA	840
	TTCTGAGTCA GGTTACAATT CTCATGATAA CCGCTCGCAC CTCGTAGGAA AGACTGCTCA	900
35	AACAGTTACA GATCTTCGAC CTGCAGGGAT TATTTTTTGT GAAAATGAAC GTATTGATGC	960
	TGTTTCAGAT GGCAACTTTA TTTTGCGCAA TAAAACGGTA AAAATCCTTG AAGTTGAAGG	1020
	AACAAGAGTA GTTGTGAGGG AAGTAGATTA ATTTAAAGGA GCGATACCAT GTTTAGTTTA	1080
40	AGTTTTATCG TAATAGCAGT TATTATAGTA GTTGCAATTAC TTATTTTATT CTCATTTGTA	1140
	CCCATTGGTT TATGGATTTT AGCGTTAGCA GCTGGCGTTC ATGTTGGTAT AGGTACATTG	1200
45	GTTGGTATGC GTTTACGTCG TGTATCTCCA AGAAAAGTTA TAGCGCCATT AATTAAAGCG	1260
	CACAAAGCAG GACTAGCATT AACACAAAC CAATTAGAAT CGCATTATCT AGCAGGAGGA	1320
	AATGTTGACA GAGTTGTTGA CGCTAATATT GCTGCACAAC GTGCTGACAT TGATCTTCCT	1380
50	TTCGAACGTG CTGCTGCAAT TGaCCTTGCA GGACGTGACG TATTAGAAGC GGTTCAAATG	1440
	TCTGTTAATC CTAAAGTCAT TGAAACACCA TTTATCGCAG GTGTAGCAAT GaACGGTATT	1500
	GAAGTGAAAG CCAAAGCTCG TATCACAGTT AGAGCTAATA TTGCTCGACT TGTTGGTGGT	1560

55

	AGTAAGCATC ATACAGAAGT ACTTGAAAAC CCAGATAATA TTTCTAAAAC AGTTTTAAGC	1680
	AAAGGTTTAG ATTCAGGTAC TGCATTTGAA ATTTTATCAA TTGATATTGC TGACGTTGAT	1740
5	ATTAGTAAAA ATATTGGTGC AGACTTACaA ACTGAACAAG CATTAGCAGA CAAAAATATT	1800
	GCACAAGCAA AAGCTGAAGA ACGTAGAGCT ATGGCTGTAG CAACTGAGCA AGAAATGAAA	1860
10	GCGCGTGAC AAGAAATGCA TGCTAAAGTA GTTGAAGCCG AATCTGAAGT ACCATTAGCT	1920
	ATGGCTGAAG CATTACGTTT AGGTAATATC AGTGTTAAAG ATTATTATAA TTTGAAAAAT	1980
	ATCGAAGCTG ATACAGGCAT GAGAAATGCA ATTAATAAAC GAACTGATCA AAGTGATGAT	2040
15	GAGTCACCTG AACATTAAGT CGAGAGGTGA TTAAATGAGT GTCGGTATTC TAATTTTTGT	2100
	CATATCAGTG ATCATTCTA TCATTACTAC TATGCGCGAA AATAGTCATA AAGATAGACA	2160
	AAATCAAAAG CCACCTCAAA AAACATCTAC CGATAATGAA CCAAAAAAAG GTGGCTTTTT	2220
20	TGAAGAAATT GAGCGAACGT TTAAAGAAAT AAGTGAAGAA TTAAATGAAG AAGAAAAGAA	2280
	ATCATCGAAA CGAAAATATG ATGATACGTT ACCACCTTTA TTCGATGAAC TTCCAAAGGA	2340
	AGAGCCTAAA TCGAAACCTG TTGTAGAACC TATGGCACCT AAAAAACAAC AAGAAACAAA	2400
25	ACCGATGACA GAGAAACCAA TCACAGTGCC TAAAGCAGAA CCGGTGGAGC AGAAACATAG	2460
	ACCTTCTAGA CAAGATAATT CTGACGAAAT TAGACGTCAA TTAGAAAAAT CACTTAGAGA	2520
	TGATATTAAA ACGATTGTA CTGACATTGA TAGAGAAAAA GAAAAGCAAA TTGCTAAAAT	2580
30	GGAAAAACGT GCTAGAGATA TTATTGAGGA TAAATACTTA TCTGAACGTA CAAAACGTTT	2640
	GAAATTAAAG CAGCTGCTTA ATTCTCAAAA TGTCGAAAAA GATTTGACTA AATCAGCGTT	2700
35	CCAATTTGAT AAAGATGAAG TAATCAATGG TATGATATGG TCAGAAATTT TAGCTAAACC	2760
	AAAACAATTA TAAAATTTTT TGAAAACAAG CACTATCGTA ATGGTAGTTG CTTGTTTTTT	2820
	TACGTTAAGG AAAATTAAAA AACAAAGAGA ATTTTTCGAG AAATATTAGT TATTTAAATT	2880
40	ACAGCAAAAA ATTGATTAGT CTAAAATTGA ATCTGCTTTT ATGACAAGGT GAAAAGTATA	2940
	AATGATTATT TTAAATTAAA GAAAAATGAG TAAGTCAATG CAAAGATGTT TAAATCAATC	3000
	AATTGCATGA TATAATTAAG TAGATATTAA AGCATCATAG AATGAATATA AATGATATAT	3060
45	GAAAAGGAGC GCGTGTATGC CTGGAATTAT ACAAATAGAC GATATGAACC AATCTCAAGC	3120
	TTTAATTGGA AATAATGATG AACATTTAAA AGCAATTGAA GAGAGTTTCG ATGTTGTCAT	3180
50	CCATGCAAGA GGACAAGaAG TTGCCGTTAA AGGTACAAAA ATAGAAAACG TAGAAAAAGC	3240
	GGAATCAGTA TTAATCAATT TGCTGAAGGT TATTGATTGA GGTAATAATA TTACAATTAA	3300
	AGATGTTGAA GCAGCTATTA AAATGGCGCA TAATAACACA ATTCAACATC TGTTAGATTT	3360

55

	GCAACGTATA TATGTTAATG CCATGAAAAA TAATGATTTA GTATTTGGTA TAGGTCCTGC	3480
	TGGTACAGGT AAGACATTCT TAGCTGTAGT TTATGCAGCA AAGCAACTCC GTAAAGGTGC	3540
5	TGTTAAACGT ATTGTATTAA CAAGACCTGC TGTGAAGCA GGAGAGTCAC TTGGATTTTT	3600
	ACCAGGAGAT TTGAAAGAAA AGGTAGATCC ATATTTAAGA CCTTTATATG ATGGTCTATA	3660
10	TACTGTTCTT GGGCGTGAAC AAACAGAGCG ATTTATTGAA AGAGGCATTA TCGAAATAGC	3720
	GCCACTTGCA TATATGCGCG GACGAACATT AGAAGATGCA TTTGTAATTC TTGATGAGGC	3780
	GCAGAATACG ACACATGCGC AAATGAAAAA GTTTTTAACA AGACTAGGTT TTGGCTCAAA	3840
15	AATGGTAGTT ACTGGTGACC AAACCTCAAAT CGATTACCT AAAGGTGTTA AAAGTGGACT	3900
	TAAGGAAGCG GTCAGTAGGT TACACAACGT TAAAGGTATA AGTATATTGA AATTAGATCA	3960
	GAGCGATGTA GTCAGACATC CATTGGTAAG TAAGATCATT GAACATTATG AAGGAGAGAA	4020
20	TTAAATGTTT ACGATAGATT TTAGCGATCA CACAGGCTTA GTTAAAGATG CTTGGTATAA	4080
	ACAAATTGAA GATTTATTAG AATTGCTAA AAAAGAAGAG CATATAGAAG ACGATGCTGA	4140
	GCTTCTGTT ACATTTGTAG ATAAACAAGA AATACAAGAA ATTAATCGAA CATATAGAGA	4200
25	TAArGwTAAr GTTmCaGATG tAaTCyCaTt tGCTTTAGrA GrAGATGAGC CmGaGATkGA	4260
	TtTTAGTGGT CTTGATATAC CACGTGTTTT AGGGGATATA ATTATCTGtA CGGATGTAGC	4320
	GCAAGrACAA GCAAAACAATT ACGGACATTC TTTTGAACGA GAATTAGGAT TTTTAGCATT	4380
30	ACATGGATTT TTGCATCTAT TAGGTTATGA TCATATGACT GAAGCGGATG AAAAGGAAAT	4440
	GTTTGGTCGA CAAGATACAA TATTAAACGC ATATGGATTA ACACGAGACT AATTATGAAA	4500
35	AGGTTTAAAT ATGCACTTGA TGGGCTGAAA ATCTTAATTC AAAAAAGACTA TAAATTTCTT	4560
	TTACATGTGT TTGCAATGAT TGTGCTATT GTCTTTGGTC TCGTACTAAA TATTAATCGG	4620
	ATTGAGTGGA TATTTATACT CATTGCTATT GCATTAGTTC TCACTGTTGA AGCTTTAAAC	4680
40	ACTGCTATTG AATATGTTGT CGATTTAGTG ACCGTTGAAT ATCATGATTT AGCTAAATAC	4740
	GCTAAAGATA TTGCGGCTTT TAGTGTACTT ATAGTTTCAA TATTAGCATT TATTATAGGT	4800
	TTAATAGTAT TTTTACCACA TTTTATAGCG TTATTTTAGG GAGGCATATA TGAGTTATCA	4860
45	ACCTCATTAT TTTCAAGAAG TTAGAAAAGC ACAACAAGAA TCATATTCGC CACACAGTCA	4920
	ATTTAAAGTA GGGGCTTATT TAAAAmCGAA AGACgGTAGA ACTTTTTATG GTACCAATGT	4980
	AGAAAATGCT TCTTATCCAT TATCGATATG TGCTGAACGA GCTAGTTTGG TATCGGCAAT	5040
50	TTCTCAAGGA TACAGACCAG GTGATTTTGA ATCAAcAACT GTAACCGTAG ATGCAGATAA	5100
	ACCGTCATCA CCTGTGGTG CATGTCGTCA AGTTTTGAAG GAATTATGTG ATGATGATAT	5160

55

ACCATTGGA TTTTCAGGAA AGGATTTAGA ATAAATGACA GAACATAAAT CAGGATTTGT 5280
 TTCAATTATA GGTAGACCAA ATGTAGGAAA GTCAACATTT GTTAATAGAG TGATCGGCCA 5340
 5 TAAAATAGCA ATCATGTCCG ATAAAGCTCA AACAACTAGA AATAAAATTC AAGGTGTTAT 5400
 GACAAGAGAT GACGCGCAA TTATATTCAT TGATACGCCA GGTATTCATA AACCTAAACA 5460
 CAAATTAGGT GACTATATGA TGAAAGTCGC TAAAAATACA TTATCTGAGA TAGATGCAAT 5520
 10 CATGTTTATG GTTAATGCCA ATGAGGAmAT TGGACGAGGC GATGAATATA TTATAGAAAT 5580
 GTTGAAAAAT GTTAAGACAC CAGTATTTTT AGTATTAAAT AAAATAGATT TAGTGCATCC 5640
 AGATGAATTA ATGCCAAAGA TTGAAGAATA TCAAAGTTAT ATGGACTTTA CAGAGATTGT 5700
 15 ACCTATTTCA GCATTAGAAG GGCTAAATGT CGATCATTTT ATTGATGTTT TAAAGACGTA 5760
 TTTACCCGAA GnACCTAAAT ATTATCCAGA TGATCAAATT TCAGACCATC CTGAACAATT 5820
 20 TGTAGTGGGT GAAATCAITC GTGAAAAAAT CCTTCATCTT ACAAGTGAAG AAATCCCTCA 5880
 TGCGATTGGT GTTAATGTGG ACCGTATGGT TAAAGAAAGC GAAGATCGTG TTCATATCGA 5940
 AGCAACTATA TATGTTGAAA GAsGTTGCGCA AAAAGGAATT GTCATTGGAA AAGGCGGTAA 6000
 25 AAAGTTAAAA GAAGTAGGaa AAcGTGCGAG ACGTGAtATA GaAATGctTC TAGGCTCTAA 6060
 AGTTTACTTA GAATTATGGG TCAAAGTTCA AAGAGACTGG CGAAACAAAG TTAACTTTAT 6120
 TCGCCAAATT GGTATGTTG AAGACCAAGA TTAATCTTAA AAGTGGTGAA GATAATTGTT 6180
 30 AATGCGCCAA AAAGGGATTA TCATCAAAGC AGTTGATTAT GGTGAATCTG ATAAAATTAT 6240
 CACGATTTTA AATG 6254

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 405:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 3710 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 40 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 405:

45 GTTGTTCTAA ATGTTTCTTG nATGAAACGA GTCAATGTAA ACTGATATTG CTGTATTTGT 60
 TGCAGCAATT CATATTGGTC TGGTGTGCA ATAACAGCAG CTTGAGTTGG AGTCGCAGCT 120
 CTGATGTCTG CAGCAAAATC ACTTAATGTA AAGTCTGTTT CATGACCAAC TGCTGATATA 180
 50 ATCGGTGTCT TACAATTATA TATTGCACGG ACGACAGCTT CTTGTTGAA ATTCCATAAA 240
 TCTTCTATGG ATCCACCGCC TCGACCTACA ATAATGGTAT CTACACCTAA ACTATCTGCA 300

	TGTATTTGTT CAGCTAATGG AAAACGACTA TTTATCGTTG AATGGATATC TCGAATTGCG	420
	GCACCTGTAC TCGCTGTAA AACTGCAATT TTTTAGGAA ACTTAGGTAT TGATTTCTTA	480
5	TTGCTTTTAT CAAAACAACC TTCTTCAGTT AATTTTTTCT TTAATGCTTC TAATTTTTGA	540
	TATAAGTTCC CTATACCATC TAATTGCATT TTATTACAT AAATTTGATA GTTCCACGA	600
10	CGTTCAAAAA CAGAAACACG TGCTTCTAAT AAGACTTCAT CTCCTTCTTT AGGTTCGAAG	660
	TTTAATTTAG AAGCACTACC TTTGAACATC ATGGCACTTA TAACGCTTC TTTATCTTTC	720
	ACATTAAAGT ATAAATGACC ACTTGaATGc TTTTGAAAT TTGAAAGCTC ACCTTTAATC	780
15	AATACAGATT GGAGATGTGG ATCTTGATCA AATTTATATT TAATATATTT CGTTAAAGCT	840
	GAAACACTTA AATAATCTGA CATATAACAT CACTCAATTT TATTTTTTTA TATTACTCAA	900
	TACACCATT ATAAATTTAT AATGATCATC ATCACTGAAT TGTTTTGTTA ATTCAACTGC	960
20	TTCATTCAAT ACGACTTTAG CAGGTGTATC ACTGTGTAAT ATTCATATG TTGCCATTCT	1020
	TAAATAATA CGATCCGTTT TTAATAAACG TGCAATAGTC CAATCTTTTA AATAAGGACT	1080
25	AATTGTCTCG TCTAATACAG GTTCGTGATC TTTAACGCCA GAACTAGCC AATGAATAAA	1140
	TTGGAAGTCT AAATCTGGAT TATCGTCTTT AATAAGCTT ATCGCTTCAT TTATCGTTAA	1200
	ATCACTGTCC TTCATTTCTA ATTGAAATAA AGTTTGAAAA GCTTGCACTC GGGATTCTTT	1260
30	ACGACTCATT TTAACTCCT TCAAACGTTT GTATTTTTCT TTATTTAATT ACTGAATTAG	1320
	GTATGACATT ACTTTTCAAT AACGATTTGT GTAATGTGAA TATTAATTTG CTTAGGTTCT	1380
	ATCGCTGTCA TATTAGAAAT TGAATTAATA ATTGACGTTT GAATTTTGTT TGCAGTTTTT	1440
35	GAAATATTAA CACCATGTTT TAATGCACAA TATACATCTA TATATATGCC ATCTTCTTTA	1500
	CTCTCGATT TTAAATCACG GCTTAAATTT TTACGACTAA CTTTTTCTAA ATTTGTTTCT	1560
	TTTAATTCAG CAAAATGGCC AGTGATGCCT TCGACTTCCG AAGTAGCTAT ACTTGCAATA	1620
40	ACAGATAGCA CTTCTGGCGC TATTTCTACT TTACCTAATT TTGAATTTGA ATAATCAGTT	1680
	ACTTTGACCA TGGATTGACC TCCTATTAAC CTTTCATCATT CATAATGCTA TTTTGCTCTA	1740
45	AAAAGTTTGT ATTAAATTTA CCGCTTCTAA ATATATCGTT ATTCAATAAT TTAATATGGA	1800
	ATGGAATAGT TGTATCAATA CCAAGAACCA CAAATTCAT TAGTGACGA ATGCCAGCCA	1860
	TAATCGCTTC ATCTCGTGTC GGTTCATGTA TGATTAATTT CGCTACCATC GAATCATAAT	1920
50	ATGGCGGTAT CGTATAATTA GTATAACATG CTGACTCTAT TCGAACACCA TATCCACCTG	1980
	GTGCAAGATA TTGCTCmATT TTACCTGGTG ATGGCATAAA GTTCTTGTA GGATTTTCAG	2040
55	CATTAATTCT AAATTCAATT GCGTGTCTG TTAATTTAAT ATCTTCTTGT TTATACGGTA	2100

	CAGTTACAGG ATGTTCTACT TGAATACGTG TATTCATTTC CATAAAATAA AATTTATTAT	2220
	CATTTAAATC ATATATAAAC TCAATTGTTT CCGCATTTC ATAATTTACA GCTTTCGCTG	2280
5	CACGAAGTGC GGCATTTCCTC ATTTACAGAC GTGTTTCATC ATCTAAAATT GGGGAAGGTG	2340
	CTTCTTCCAC TAATTTCTGC ATACGTCTTT GAATTGTACA ATCACGTTCT CCTAAATGAA	2400
	TTACATTACC ATAGCTGTCC CCAACAATTT GGATTTCAT ATGGCGGAAG TTTTCGATGA	2460
10	ATTTCTCCAT ATAAAGTCCA CCATTACCAA ATGCAGTTTG AGCTTCTTGT TCTGTCAATC	2520
	GGAAGCCAGT TTCAAGTTCT TTTTCATCAC GAGCAACACG GATACCTTTT CCGCCACCGC	2580
15	CAGCAGTAGC TTTAATGATG ACCGGATAGC CAATTTTTTT GCGGATTTTC TTAGCTTCTG	2640
	AGACGTCTTT CATTAACCG TCACTACCAG GAACAACCTG AACATTGGCT TTGATCATTT	2700
	CTGCCTTAGC AACATCTTTG ATACCCATTT TTTGGATAGA TTGATAACTT GGTCCAATGA	2760
20	ACTTCAATTG GcATgctTCG CATAATTCTG CAAAATCAGC ATTTTCAGCT AAAAAGCCAT	2820
	AACCCGGATG AACGCCATCA CAACCTGTAG AAGTTGCAAT AGATAAGATG TTCGGAATAT	2880
	TTAAATATGA ATCTTTAGAC AAAGTGGGAC CTACGCAATA TGCTTCATCA GCAATTTGAG	2940
25	TATGTAGCGC ATCTTTATCC CTTTCAGAAT AGATTGCAAC AGTTTGGATG CCTAAATCAC	3000
	GACAAGCGCG AATAATCCTA ACTGCGATTT CACCGCGGTT TGCAATTAAA ACCTTTTTTCA	3060
30	TTATTTACC TTAAATAACG GTTGGCCATA CTCTACCATT TGTCCGTCTT CTAATAAGAT	3120
	TTCAACAATT TCACCTGAAA TTTCTGCTTG AATTTCATTA AATAGTTTCA TTGCCTCTAA	3180
	AATACACACT GTTGTTCAT TTGAAACAGT GTCCCAACT TGCACATATG CTTCTTCGTC	3240
35	TGGAGATGGC GATTGTGAAA ATGTACCTAC CATAGGTGCA TTAATTGTTT TGTGATTATC	3300
	TGAAGTTGGC TTTGGAGCTT CAGTTTATT GCTATCAGTT GATTGTGCTT GAGGCATAGG	3360
	CATTGCCGCA GCTTCAACTG GCATTGTGA GATTGTGGC GTGATAATCT CAGTTTCTTT	3420
40	TTCTTTCTTA AGCGTCACTT TGCCTTAGT ATCTTCAATA TTGATTTCCG TTAAAGTTGA	3480
	TTTATCCAGA ATTTCAATTA ATTCTTTGAT TTCTTTAAAG TTCATTATTA CTGACTCCTT	3540
45	CAGTTTGTTC TCATCTACCC GTCTATTTTA CTTGAGACAA CTCTTCAATT CAAGCATGTT	3600
	CATATTGCTG GCGACATTAT AAGTCTATCC CAAAGTTATA ATAAAACCAC ATTTTAAATT	3660
	AAAAACACTT GTGTATTTAT TACTTAACAT TGAATCATCT TAACTCTTGA	3710

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 406:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1705 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 406:

5	GCTGATGTTT GTTGCCTTTT TCCACCAGAC AATTCAGAGG GATATTTATC ACTAATATCC	60
	AATATATTTA ATGCTTCTGC TACTTTTTCA TAACGATTTA ACATATGTTT TTTATCTAAC	120
	TTCTGTACCG TTAGTGGTAA CATTATGTTT TCTTTAACAG TCAATGTATG CAGTAAATTA	180
10	TACTCTTGAA AAATAAAACC AATATCATGC TTGCGTATAT CAGATWATTC CTTGTTTGAA	240
	AGCTTTTCTA ATTTTTTTCC TTTTAATGTA ATAGAACCCT GTGAAATATA ATCAATTGAA	300
	CTTAAACAT TTAATAATGT CGTTTTCCCA GATCCAGAGG GACCCATAAT AGCAATAAAC	360
15	TGCGCTTCTT CAATAGACAT ATTGATATCT CGCAACACTT CTTGTGCCAT TTTTTTAGTT	420
	CCATATATTT TTGTTAATTG TTTTACTTCT AAAATTGCCA CTTTAACACT CCTATAATTT	480
	ATCTTAACTT CATTTCTTTT AGGCTTTGGC ACTTGTATCT TCAATTTAAC ATATGACTAA	540
20	CATCTATCTT ATTATAACGT TGAAGCTGCA TTGATGTATC AATTCTAAGT AACAAAACGC	600
	ATGTTTAAAA TGACAAATTT GTCACCTCCG ACATGCGTTC AACAAATTCA TTTTGTAATG	660
25	GGAAAATCAA TCTGACAGTT GTCCCCTTAC CAACACTCGA CGTGACTTGC AGGTGAATAC	720
	CTAATTGATC CTTTACACTA TTTACTAAAT ATAGACCCAT ACCTGAAGAC GTCGTTTCAT	780
	TTCTGTTAGC CGTTGACGTA AATCCTCGTT CAAATATTCG CGGCATATCT TTTTACTAA	840
30	TACCTCTGCC ATAGTCTTTA ATATATAACG AAACATGTTG ATCATTTAAT TCTGTCCCAA	900
	TTTCAATATT AAAATTCTCA CTATATTTCA ATGCGTTTGA CAAAATTTGT CTAATAATCA	960
	TACGACACCA TTTTATATCT GTATAACAT AATCATCCAC TTTAAAGTCA ACATCAAAAC	1020
35	CAATACCTTT AACCTGACTA ATATGTCTTG TTAATTGTAT TTCATCAATG ACCATGCGTT	1080
	TAAGTGACAC GTAATCAAAA TACATATCTT TACGTTGAGA TTCTAATCTA GTAATATACA	1140
40	GCTGTGTATC TAGCATCGAG TTTATACGAG ACCATTCTA TAGTAATGCT TGTWTTCTTT	1200
	CTTGATTTTT TTCTTGATCA ATTAATAATT TCATAGCTGT CACAGGtGTT TTTATGTCGT	1260
	GCACAAATTC TGTAAATGGT TGTTCATGCA TGTTCAAATT CAACTGTTGC TCAACAACCT	1320
45	TTTCTTTGTG CGCTGAGATT TGACGATATA AATAATCAAC TGTATGACGT TGAAATGGCG	1380
	TTCCCGCTAA ATCTTTATGT TTAATTTCTT CTATTTCTTT ATCTTTGTCA AAATGCTTAT	1440
	ATAATTTTAC TTCTTTAAAA TATGTCAATA AAAGAAAAAT CATTGTTAAA CTTAAATTCA	1500
50	AAGAAACAAT ATAAAATAAA CTGTCTATTG GAAAATCATA ATCGATTAGA CTATGCGCTA	1560
	ACATAAGGAA GTTTAAAAAC AATATCCAAA AtATCCAGTT CATGCGAGAT TTCAAAAAAT	1620

55

GCACTATCCA TACTAATTTT AGATA

1705

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 407:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1722 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 407:

15	TCAATATATC TTAAAATTCA ATGATTAAAT CnATTATCAC TAGACATnAA ATACATAAAT	60
	CCTATTCCCC ATTTTCATTT nTTAATTCAT AAATGAATCA ATAACCACCT AATAACAAAT	120
	CATATTATAC ACCTTTGTTC TCTATTTTTC TAAGGTTTAA AAAATATTTT TAGGTAAACC	180
20	TAAAAATAGA TGTAATAAAA ACGCCTCCTC AGATATTTAT ATATCTATGA AGACGTTTAA	240
	ATACATTATA GATGGTCTGG TTCTGGGTGA ACGTATACTG AGGAAAtACC TTTTTGTGC	300
	AAATGATGTT CGACATTGTC ACAAATTTGA TGCGCTTCTA CTAAGGAAAG GTTAGCATCT	360
25	ACAACAATTG TGACATCAAT AAACACACTA CTTCCATGGT AACGCCCTTT AATACTTTTA	420
	ACTTCTTGTA CTTTCATCAAC TTCTAAAATA TCATTGCGAT ACGCTTCTAA TTCAGTTTCA	480
	TTGAAACCAT CACTCAACAT AAAAATTGCT TCTTTAAAAA TACCAAAACC AGTATAAACG	540
30	ATTAGTAAGC CTAGTAATGT TGCTAAAATA ATATCGACAA TTGGGAAACC GATTGCGTA	600
	AAAATTAATC CTATCGCTGT TCCAATGCTG ACTAACTAT CCGATAAATT ATCTTTGGCA	660
35	GCCGAATTTA AAGAACTACT TTTGTTCTT TTCGCTAGTC TTTGATTGAC TGCAAATACA	720
	ATCAACATTA CAAGACCACT GATTAAAGCTG ACGATAATTG TTATTGCGTT AGGTACAACG	780
	TCATCTTCTT TGAACAAACG AGGTGCATTT TGAATAACTA CTTGGATACC TACAAACATA	840
40	ATGACAAATG ACACCAATAA TGAAGAAATA TTTTCAGACT TCAAATGGCC ATAAGGATGA	900
	TTTCGATCGG CAGGTTTAAT TGAAATTTTC AATCCAATAA TAACAGCTAA AGAAACGATA	960
	ATATCTGTCA TATTGTTTAA TGCATCGGCT CTTACAGCTG CAGAGTTAAA GACAAAACCC	1020
45	GTGACATACT TAACAATAGA TAAGATTATA TATACAATTA AACTCAAATA AGCACC GCGT	1080
	TGCGCCAATT TAAGATTTTC ATTATGAGAC ATGCGTTGAA CCACCTTGAA TTAGTATAGT	1140
50	AACAATATTA TGAATGATTC ATTTTAATTT TACAACGTTT TTAATTTTTA TAAATTTTTA	1200
	TAAAATTAAT CTAATTTATT CATTGCAAC CCCTAAAAAT AATTTTTAGC CTTTCTGCGA	1260
	ATTTTATGAG CTAGAAAGGC GCCCAACTCT CCCTGTTTGT TAACTTTCGC CTCGAAAGTT	1320

CGAAWTTAT GAGCTAGAAA GGCTTATGCA GTTGACGTTT TACGTCCAAC TCGGTTCCCTC 1440
 CGTCTTCTTC AAATTTATTT GTnAGAAAGG CACCCAACTC TCCCTGTTTG TTAACTTTCG 1500
 5 CCTCGAAAGT TTCTATGTTA GAACCTATG CATGAGTTGC GAAnTATCTA ATGTCGTGAA 1560
 CTAATTATAT AGAAGAAAAA GTGCATCAAT GACAAATTAA ATGAGATTTC TACTCTACCA 1620
 AACTCTCTTC GAAAGACAAT TTTCTCCTCT ATTTATTAGC AACTATTGCA TTTCTCCATA 1680
 10 TAGTACTTCC TTACTTAAAA TACGCTGAAT GTCTGAATTA AA 1722

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 408:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 5521 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 408:

GCGAGACCCC CTGAGGGAGC AGTGCCCACT CGAAGACCCG AGGCTGAGAC GGCACCCTAG 60
 25 GAAAGCGAcc ATTyCAATAC GAaTTgTGAt AAATAGAGAA CAGCAGTAAG ATATTTTCTA 120
 ATTGAAAATT ATCTTACTGC TGTTTTTTTA GGGATTATG TCCCAGCCTG TTTTTTGTA 180
 TTTTAATAA TTTGAATATG GAAAATGTAT TATTCTCTCA TTTGTATAGA TTGTATTAA 240
 30 TAAGTTAATG TAATCCTTGA GCTCAGGATT AATAAAATTC TATAACCTTA ATTATTTTCT 300
 CGATACAAAG GGTATTAAAC TTTAATATAA GTATAATGAT GTGCCTCATC TTCAAGACGC 360
 35 ATTGTTGTAA CACACTTATA ATCTATAAAT GGC CGAACA TGGTATCTTT AATTTCaTTT 420
 ATGCGATTCT CATTTACTTG ATTAGATTGG TGTGTCGAAA GTACAAGTTG ATCaAAAATG 480
 TTATCTAGTA CATCACGAAC GATATACCAC ATATGTCTTT CTAAGTTTGA ATCATTGTGAT 540
 40 GCTTTAGAGA TTGTAAGAAT TAATTCGCCT AAATGGTTTT GAACGGTAGA ATAAAAGGCT 600
 TTGTTAAACA CAGACGTTTT TGAATCAGTA AGAATCTTG ATTTTTCATG GAAATGAGAT 660
 GTACTGTATA CCATTTcATT TAGTTGTGCT TTATCAATTC TTAAACCTTC AAAGTCTCTA 720
 45 ATATACATCG TGTCCAATAG ACCATCTTTC CGAAATGTTG CAATAGCATT TTGCAAGTGA 780
 GCCTCTAATG CAATGCCATA TTTAGTAACT AGTGGGATTA CGAGACCAAG CAATGCTTTA 840
 CTATAAGTTT CAACCCACGA TTTCGCCGAT GATTCAAAAT CAGACAATGA TGCAGCTGAT 900
 50 TGATAACGTT TAATCAATGT CACGATAGGT GATTCATTGT TAAATGGGTA GGTTGCAACT 960
 AAGCTTGAAG GAATCAATGG TGTGACTTCT TGTGGAATCA TTTGGTATAT ATTTTTTCTA 1020

AAAAATGAAT ACCAGCAACT TCATCAATAA TTGTTGATGC ATAGGACTTA AATATGACAT 1140
 CTTTCTCCAA AATATCATTT AAAATACGTG TCATTAGTGG ACCATTGTGC GTCGTTTGTT 1200
 5 CTGATAATGT ACGAATCTCA CCTGTAATAT GAACGTTTGT CGACAATTG ATGTGTGGCG 1260
 ACATAGCTGG GTATTTAGGA ACTAATGTTC TGAAAGATAA ACCAGCATAA TAATCCaACG 1320
 TATGTTTTGC TTCAATGATT AATTCTTTAT CTACTTCTGC TTGATAATCA GAATGTAATA 1380
 10 CGTCATCTAA TTGCCATGGA TGAACAATCA TAATGTGATA ATCATTAAAG TTAAACTTTG 1440
 GCGTAAATTC ATTTTCTAAT TGTTTAATTA AGTCCGGAAA TAGTTGATGA ACAGTTGTAT 1500
 15 CATAATCTTT AGACAGTGAC ATAGTACGGC TTAATTTACT GTGAATCAGT ACTATTTTCA 1560
 ACTTAATAGG TTGATTGAAT TCTGAAGAAT ATAGGAATGT TTGTAATGCA TTTAAACCTT 1620
 TACGTAATTT AGCCCCAGGA TGTAGCGGAT GACCTTCAAT AACGGCTTGC TCTGAACGCA 1680
 20 AGTAACTATC TTCGCTATTT TCGATAATAT TAAATAAAGG TGCAGAATCA TGTTCATTG 1740
 ACAGTGCTTG ATAGCTAATT GCAAATGTCA TATcAGTcGC ACTGTTTATT AAATCTTGCT 1800
 GAAATTGATC ACTAGCAGCA TTTTTTAAAT CTGGTGCTTC AATTAAAATA CACTCAAGAA 1860
 25 TTTCATTTGG ATGGTGACT CGTGTAATCG TATTTGTAAT GTCATCTTTA ATGTAGAAAG 1920
 GGCCTTCAAC ATCAATTCGA TCAAAGGCGT GTTCTCCAGT GATAGGAGCA TATAATGTTT 1980
 GCTTAGCTTG TGGGAAGTGG ATTTCTAGTA TATGAGTCGT TGAGATATCT AACATAATCA 2040
 30 AATCAGCACT CAATATTTTC TTACTTTGAG TCGCGCTTTT AACTAAGTTT TCGCGATGCA 2100
 TTGATGTGAC CAATCTCTGA GTGACTTTAT CTCTTCCTTG TAAAATCATC TCTTTAAAAA 2160
 TATTAGCCCA ATCGCTATTA TGTTGTTGTA AAAATAAATA TGTTTCTTGT TCTTCTTGT 2220
 35 TAAATTTTAA TGCTGTTCT TTAATAATTA AGTTCAAGTT CATAATTCAC CTCTATGAAA 2280
 TATTTTACAA AAGCAAGATA GATTTGTATA ATCCATATTA ATGATAATGA yTCTTATTAT 2340
 40 CAACAGAATG CGGGTGTAAG TTTTATGACA AAATATTTTT TTAGCAGTTC TTTTCTACTA 2400
 TTTCTAGGTA ATTGGATTGG ACAAATAGGG CTAAATTGGT TTGTACTTAC CACTTATCAT 2460
 AACGCAGTTT ATCTGGGGAT TGTCAATTTT TGCAGACTTG TACCAATATT ATTACTAAGT 2520
 45 GTGTGGGCAG GGGCAATTGC CGATAAATAT GATAAAGGGC GATTGCTGAG AATTACAATT 2580
 TCATCATCAT TTTTAGTAAC TGCAATTTTA TGTGTGCTCA CGTATAGTTc ACTGCAATTC 2640
 CAATTAGCGT CATTATTATA TATGCGACAT TAAGAGGGAT TTTAAGTGCG GTTGAAACAC 2700
 50 CTTTAAGACA AGCAATCTTA CCAGATTTAT CAGATAAAAT ATCTACTACA CAAGCTGTmw 2760
 CATTTCATTC ATTCATCATT AATATTTGTC GTTCAATAGG GCCTGCCATT GCTGGTGTCa 2820

55

	CAGTTTTATT ATGCTTACCA TTACATTTTA AAGTAACTAA AATACCTGAA GaTGCATCAA	2940
	GaTACATGCC GTTAAAAGTT ATTATAGATT ACTTCAAATT ACATATGGAA GGTGACAAA	3000
5	TATTTATAAC ATCATTATTG ATTATGGCGA CAGGTTTTTC ATATACGACA CTTTTACCAG	3060
	TTTTGACAAA CAAAGTATTT CCGGGGAAAT CTGAAATATT TGGTATCGCT ATGACGATGT	3120
	GTGCCATTGG TGGTATTATT GCAACGCTAG TTTTACCTAA AGTACTTAA TATATTGGTA	3180
10	TGGTAAATAT GTATTATTTA AGTTCATTTT TATTTGGCAT TGCTTTGTTA GGTGTGGTAT	3240
	TTCACAATAT TGTCATCATG TTCATTTGTA TTACATTGAT TGGGTTATTT AGTCAATGGG	3300
	CACGTACGAC AAATCGCGTT TATTTTCAA ATAATGTTAA AGATTATGAA CGTGGTAAAG	3360
15	TACTGAGTAT TaTTATGATG GgATAGAGGT ATGaTTCCAT kGGAAGTCn ATTAATGAGT	3420
	ATATGTGCAG ATGTGTTTGG CATGTGTTAGA ACTTTTTCAA TAATGGGAAT AAGTACTATA	3480
20	TGCATTACAA TGGTATTCTA TTTTATAAAT AGAAAGTTGA AGTTAAAGTT GGAGGAAAGT	3540
	AATCATGGTA TATCTTGAAT GGGCAAAGGC AGATAGAAAT ATTCAATATC GTGTAATTAA	3600
	CGCCATTATT AAAGAACGTA TTTACCCCGA GCAAACATTT ATTTGCAAA AAGGATCTTT	3660
25	AATTGAAATT CAGTATCATA TGCATGTGTT GACTATTGAA GTTGTTAGAA AAAGTGCATT	3720
	AGAACGCTAT GAGTTTACAG GTGATATTAC TTATTTAAAT AAAGGTGAAA CGTCATTAAT	3780
	TATAACTTTA GAAGGTTTAT TAGATGTGTT GAATCATGAC TTGATATCC CTATTTTACA	3840
30	GCGACTACGC GAAGAGTTAA TACACAGTCG AGATAGTTTA GTTGAAACAT ATAAGCAAAT	3900
	GTCTCACAGA CAAACGTTAA TAAGTCmaAG TTTTAAATTT TCAAGGTTAC CACAAGATAT	3960
	TAACTTTTTT TCakGGTtAC AACATGTAA AGATAGTGAT AAGACAGATG ATTTAACTTA	4020
35	TTCTGAGAGT TTGGTACCAG AGGGGCATCC AACACACCCT TTAACCAAAA CGAAATTGCC	4080
	CTTAACATG GAAGAAGTAC GAGCATATGC ACCTGAGTTT GAAAAAGAAA TCCCTTTGCA	4140
40	AATTATGATG ATTGAAAAAG ACCATGTTGT GTGCACAGCT ATGGATGGTA ATGATCAATT	4200
	TATTATTGAT GAAATAATTC CCGAATACTA CAATCAGATT CGTGTGTTTT TAAAGAGTTT	4260
	AGGTTTGAAA AGTGAAGACT ATAGAGCGAT TTAGTACAT CCTTGGCAAT ATGATCATAC	4320
45	GATAGGGAAA TATTTTGAAG CATGGnITGC TAAAAAATA TTAATTCCAA CGCCGTTTAC	4380
	AATACTTcCA AAAGCaACTT aTCatTTaGG ACGATGTCTT TAATTGATAA AccATACCAT	4440
	GTTAAGtTGC CCgTCGATGC aCAAGCAACA AGTGCCGTTA GAACAGTCTC AACTGTGACT	4500
50	ACTGTAGATG GACCAAAGTT AAGTTATGCT TTACAAAACA TGTTGAATCa ATATCCaGGA	4560
	TTTAAAGTTG CTATGGAACC GTTCGGTGAA TATGCAAATG TTGATAAAGA TAGGGCACGT	4620

55

AGTGCAAGTC TAGTTAATAA AAATCCAATA GATCAAAAAG TTATCGTGGA TAGTTACTTA 4740
 GAGTGGTTAA ATCAAGGAAT TACTAAAGAA AGTATTACGA CATTATTGA ACGATACGCT 4800
 5 CAAGCATTAA TCCCGCCTTT AATTGCTTTT ATTCAAAATT ATGGAATTGC TTTAGAAGCA 4860
 CACATGCAAA ATACAGTAGT GAACTTGGGG CCACATTTTG ACATTCAATT TTTAGTGAGA 4920
 GATTTAGGTG GTTCTAGAAT TGATTAGAA ACATTACAAC ATCGTGTATC AGATATTAAA 4980
 10 ATTACAAATG ATAGTTTAAT AGCTGATTCT ATAGATGCAG TGATTGCAAA ATTCCAACAT 5040
 GCTGTTATTC AAAATCAAAT GGCAGAATTA ATCCATCATT TTAATCAGTA TGATTGTGTT 5100
 GAAGAAACCG AATTATTTAA CATAGTACAG CAAGTAGTAG CGCATGCCAT TAACCCAACA 5160
 15 CTACCACATG CAAATGAGTT AAAAGATATT TTGTTTGAC CAACAATTAC TGTCAAAGCG 5220
 TTGTTAAATA TGAGAATGGA AAATAAGTA AAGCAATATT TAAATATTGA GTTAGATAAT 5280
 20 CCGATAAAAA AAGAGGTGTA GTACTACATG GCACACGTTA ACATAAATAT ATCGAAGATT 5340
 AAATATAACG CCAAAGTACT TCAAACAGTT TTTCAAAGTA AAAATATGCA ATTCACACCA 5400
 GTAATTAAGT GCATAGCTGG TGACCGTACA ATTGTAGAAA GCTTAAAAGC GTTAGGTATC 5460
 25 AATCATGTTG CAGAATCCAG ATTGGATAAC ATAATTAGTA TTGCAGATAC AGGATTTAAC 5520
 A 5521

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 409:

30 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1261 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 35 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 409:

40 AGGTCGTCTr GCaGmAGmGm TATTTGACGA TCTTGCTTTC CAAAACACG ATGATGATTT 60
 TAACATACTG TCTGATTATA TTGAGACACA TGGTGATTTTC aCATTGCCAA TGTCTGTATT 120
 TGATGATTTA TATGAAGAAT ATACGGAATG GCTAAAATTT TAATATAATT TTTAATAATA 180
 45 ATAGTTAGAA CCAGGGTGAT GCAATTCGTT ATCCTGGTTT TAATTAAAA TAACTAAGT 240
 TGTGACTAAA AATTAATCAA TTATAGTGAA ATATGGTGCG CTATCTTGCA TAAATTGATA 300
 TGATTAACATA CACAGAATTT AAAAGTACAT AATACATAAT AAGGAAGTGA TACAATGGAT 360
 50 GATAAGCAAC ACACATCTTC ATCCGATGAT GAACGCGCTG AAATTGCAAC AAGCAATCAA 420
 GACCAAGAAA CTAATTCATC GAAACGCGTT CACTTAAAC GTTGGCAATT CATATCAATA 480

55

CAAAAAATAA GTGGTTTAAA CAAAACCTGAT CAAGCAAAC TAAATAAAAT TGAAAATGTG 600
 TATAAAATCT TAAATAGTGA TTATTACAAA AAACAGGACT CTGACAAGTT AAGTAAAGCT 660
 5 GCAATTGATG GCATGGTCAA AGAATTAAAA GATCCTTATT CTGAATATTT AACAAAAGAA 720
 CAAACGAAAT CCTTTAATGA AGGTGTTTCA GGTGATTTTG TAGGTATTGG TGCAGAAATG 780
 CAAAAGAAAA ATGATCAAAT TATGGTTACT AGTCCTATGA AGGGATCTCC AGCAGAACGT 840
 10 GCTGGCATTG GTCCTAAAGA TGTCACTACT AAAGTAAATG GAAAATCAAT TAAAGGTAAA 900
 GCATTAGATG AAGTTGTCAA AGATGTTCTG GGTAAAGAAA ACACTGAAGT CACTTTAACT 960
 GTTCAACGAG GTAGTGAAGA AAAAGACGTT AAGATTAAAC GTGAAAAAAT TCATGTTAAA 1020
 15 AGTGTGAGT ATAAGAAAAA AGGTAAAGTT GGAGTTATTA CTATTAATAA ATTCCaGAAT 1080
 GATACATCAG GTGAATTGAA AGATGCAGTT CTAAGGCTC ACAAAGATGG TTTGAAAAAG 1140
 20 ATTGTTTATG ATTTAAGAAA TAATCCAGGT GGACTACTAG ATGAAGCTGT TAAAATGGCA 1200
 AATATTTTGA TCGATAAAGG AAAAAGTGT GTTAACTAG AAAAAAGTAA AGATACTGAA 1260
 G 1261

25 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 410:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2488 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 30 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 410:

35 AAATATATTG AAnAGAnAAT TACTAAGATT AAATChTCTT AAAATATCCC TGAAATAACG 60
 TCCTAAAGAT TAAAGGAAAG AGGTTATAAG TTATGCCAAA ATTAATTTTA TGTGTCATG 120
 40 GACAAAGCGA GTGGAATGCT AAAAAGTTAT TTACTGGATG GGAAGATGTT AATTTATCTG 180
 AACAAAGTAT TAATGAAGCG ACTAGAGCAG GTGAAAAAGT AAGAGAAAAT AACATTGCCA 240
 TCGATGTAGC TTTTACATCG TTATTAACAC GTGCTTTAGA TACAACGCAT TATATTTTAA 300
 45 CTGAATCTAA ACAACAATGG ATTCCTGTAT ATAAAAGCTG GCGTTTAAAT GAACGCCACT 360
 ATGGTGGATT GCAAGGCTTA AATAAGATG ATGCTAGAAA AGAATTTGGA GAAGAACAAG 420
 TACATATTTG GCGTCGTTCT TATGATGTGA AACCACCTGC TGAAACCGAA GAACAACGTG 480
 50 AAGCTTACTT AGCTGATCGT CGATATAATC ATTTAGATAA ACGTATGATG CCTTATTCTG 540
 AAAGTCTGAA AGATACTTTA GTTCGAGTGA TACCATTTTG GACAGATCAT ATTTACAAT 600

55

	TTAAATATCT TGAAGATGTG TCAGATGAAG ATATCATTAA TTATGAAATT AAAACAGGTG	720
	CACCGCTTGT TTATGAATTA ACGGATGATT TAGAAGTTAT AGATAAATAC TACTTATAAA	780
5	AaAAGAGCTG CATGTACACA AGGAGTGAGT GTATATGcAG CTCTTAAAcA TGTGAAGTAA	840
	TGTAAGGAAA TAGTTAAGTA TAGAGTTTAT ATTAACGAGC TAGGGATACT CGAAAATATA	900
	GTTAGACATA CAATATAGTC AAATTA AAAAC AATTATTTTCG CTCTTTTATG TTGCTTAATA	960
10	ATCTTTAAAG CACGCTTTCT TGTTTTAATG TTAGGGCTAT TTAAATTACG ACGAGCAGTC	1020
	TGTAAATCTA ATTTCACTCT TATCCCTCCT TGTAATATA TTATGACCGA TAACTACTCA	1080
	TATGTAAATA GTAATGATTA CGTTTTAAAG AAATTGTAAT AAAGTCGTGC TAATTTTTTG	1140
15	GAAATGGGT ATAATTACCG GATATCTAAA AATGTGTGTC GTTTTTTAGA TGGTGAGGGG	1200
	GAAGCTTTAA ATGTCGAAGA AACAAAAATT AACGATGATT ATTACTATGC TGATGGGTGG	1260
20	ATTTTTTGA TTATTAAATG AAACACTATT AGTGACGGCT TTACCAAGTA TTATGAAAGA	1320
	TTTTGAAATT TCATATACAC AAGTTCAATG GCTGACAACA GCTTTTTTAT TGAATAATGG	1380
	GATTGTTATT CCTTTGTCCG CGCTTGTTAT ACAACGTTAT ACAACAAGAC AAGTGTTTTT	1440
25	AGTGGGTATT TCTATCTTTT TCTTAGGTAC ATTACTCGGC GGCTTGAGTC CGCATTGTGC	1500
	AACATTATTA GTTGCTAGAA TTATTCAGGC GTTAGGCGCA GGTATTATGA TGCCATTGAT	1560
	GATGACAACG ATTTTGGATG TTTTCCAACC ACATGAACGC GGTAAATATA TGGGGATATT	1620
30	TGGTTTGGTA ATTGGTTTAG CACCAGCTAT TGGACCTACT CTTTCAGGTT ACCTTGTTGA	1680
	ATATTTTAAC TGGAGATCGC TTTTCCATGT TGTCGCTCCA ATTGCAGCTG TGACATTTTT	1740
	AATTGGaTTT AAAAcGATAA AAAATGTTGG AACTACAATT AAaGTACCTA TTGATTTTAT	1800
35	TTCTGTCATT TTTTCTGTAC TAGGTTTCCG cGGGTTATTG tATGGAACGA GTTCaATTTc	1860
	AGAAAAAGGT TTTGATAATC CTAcGtATTA GTATCTATGA TTGGAGGCGT TGTTTTAGTC	1920
40	GCATTATTTG TAwTACGTCA ATATCGGCTA TCAACACCAT TATTaAATTT TGCTGTATTT	1980
	AAAAATAAAC AATTTACAGT TGGTATCATT ATTATGGGTG TCaCAATGGT ATCGATGATT	2040
	GGTTCGGAAC CGATTTTACC TATCTTTGTG CAAAATTTAT TGCATCGTTC AGCTTTAGAT	2100
45	TCTGGATTAA CTTTATTACC AGGAGCAATT GTTATGGCAT TTATGTCGAT GACTTCGGGT	2160
	GCTTTATATG AAAAGTTTGG TCCTAGAAAT CTTGCTTTAG TAGGTATGGC GATTGTTGTT	2220
	ATTACTACGG CTTATTTTGT TGTAATGGAT GAACAAACAT CAACAATCAT GTTGGCAACA	2280
50	GTTTATGCGA TTCGAATGGT TGGTATCGCG TTAGGATTAA TTCCAGTAAT GACCCATACG	2340
	ATGAATCAAT TAAAGCCAGA AATGAATGCA CATGGTTCAT CTATGACAAA CACAGTACAA	2400

55

AACTTTTCTC CAACTATGTC AGACTATA

2488

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 411:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1105 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 411:

TTTTACAATT TCAGATATCT CTAAACACA TACCGATCCA ATGGCCAAAA TTATTCGTCA	60
AAAATTGAAA AAAGTAGGAA TTCGTAAAGG GATTCCAGTT GTATTTTCAG ATGAAAGTCC	120
AATTGTCATA AGAGAAGATG TAAAAGATAT AGTTGGAGAT AAAAATGCTA TCAATCGAAA	180
AGGACAAATG CCACCTTCTT CAAATGCCTT TGTGCCAAGT GTTGTGGAT TAATTGTGTC	240
AAGTTATGTG GTGAATGACG TATTAAAAGA TATTCCAGTT CGTCGCATTA AAGACAAAGG	300
GCAATAATTC ATTTTGAAAG GGATAATTTT CAACGTAAGG CAAGTGTAAC CACACCATAA	360
AACTAAACT GACTAGTTCG CAAGCATAGT AGAATATGCC TCGTGTACTA GTCAGTTTTG	420
ATTTGATTAT AGCTAAAATA TCAAAGGTAA TCGATTAAAT CTTATTTTTA CGGCCTTTGT	480
TTAAGTAAGT TGTTATATAT TTCTTTGAGT TGTGTTCAC TTTTAGATGT CGTTTTTGGT	540
TCGTAATAAA TTTTGTTTTT TAGTTTATCA GGTAAATATT GCTGTGAAAC ATAGCCATTA	600
ACATATTGGT GTGGATATTT GTAACCAATA GATCGGCCA GATCTTTAGC ACCTTGATAA	660
TGTCCATCTT TTAAATGGTT TGGAATTGG CCCACATGAC CGTTTCTAAT ATCGGACAAT	720
GCACTATCAA TGGCACTCAT TGCTGAATTT GACTTAGGTG ATAAGCATAG TTCGATTACT	780
GCTTGGCTTA GTGGAATTCT AGCTTCTGGT AAACCTAGAC GTTCTGCTGA TTCAATAGCA	840
GCAAGTGTTT TCTGACCAGC ATTAGGTGAG GCTAAGCCTA TATCCTCATA GCTAATTACA	900
AGTAATCGTC GAACTATTGT AGGTAAATCT CCAGCTTCAA TTAATCGTGC TAAATAATGT	960
AAAGCGGCAT TGACGTCGCT ACCACGGATA GATTTTGGGA AAGCGCTCAT AACATCGTAA	1020
TGCATGTCAC CATCCTTGTC ACTTACAAAT GCACCTTTTT GTAAACAGTC TTTAGCATCT	1080
TGCAATGTAA CATGTCGATA ACCGT	1105

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 412:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 579 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 412:

5 TAACGTCGAA CTTGAGCTGT TACGTTATGA CTCATAATTA TTTTAGCATA GTCATTTAAA 60
TAAACTTCTG TTCTGTCTGT TGGATAAGCA AATTCAAGCA ATTGACTGTA ACTATCATT 120
ATGACTTCTT GATCAACATG ACTATCAAAA TATACAGCAT AATAATAAGT ACCATCAACC 180
10 ATATATAACA AATCTTCAAA CTCTGTAGTT ATTGGATTGC TATGATATGC ATAATTAATA 240
ACATCTTCTA AATCGTTAAA TTTCACAATG ATTGTTCTTG TATTTTTACG TGCTGAAGAC 300
TTTTGACGTT TAGAACCTTG AGCTTCTTTT TCTTTTGTTC GTTGCTCGAA TAATTCTTCT 360
15 AATTGATCTT CACCTTCTAA TGTTGAGCT AACAAATTCTT GAACTTGTTC ATCAAATKGA 420
TCAGTTGCAT CATCATCAGA CATATTCATC ATATCTTCAT TTTTAGATTT AGAAATTGTG 480
ACTTCGACAC CTTTTTCAAA GGCATGTACT TGAATCCATA ATGGACCTnC TACAACAAAA 540
20 TCTTCTACTT CGTTAATTTT ATCCATCATT GAnCAAAAG 579

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 413:

25 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 1342 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 413:

GTGGTGAAAC TTCTTGCTTT GTAATTTTAT AAAGTGGATC AATATCACTC TGACTTACAT 60
35 CAGGTTGAAC TGTCATCTTT TTAGTTACTT TGTTTTCAAG CGTAATATTT GCTAATTcTA 120
GGtTTTACAG AATAATGAAT GTCATCAGCT AmCCCTTTmm CcTGATACTy CTCTTGATAT 180
TTTCCAGCTT TAGCATTTGA TAAATCAATC ACTACTCTTA AATCTTCTGG ATTTTCAATT 240
40 TTTATTATCT TTGATTGTGG TCCTGAAATA GTCACATTAA CTGTTTCAGG CGCTTTTGT 300
AAATGCAAAT CTTTAGTGTT ATAAAGAATT TCAACGGGTA CATCTTGAAT CGTTTTACTA 360
GACTTTTGAC CAAGATTACC AGTGTTAAAG ATATTTCCAA AACATTGTT AACAGATAAA 420
45 AAGAAAAACA ATGCCAAAAG AAAGGCAATA AATCTCAAGC CCCATTTACT TTCTAGCATA 480
TTATTTCACA CCTTCTTTT GAAAGCGTGT GCCAAACCAA TGTTTCAGCA GCAACTCTTC 540
AAAAATTCG TTTGAAATGT CTCGTCGTAA TTTCCATCA AATGTTACCG AAATATCACC 600
50 AGTTTCTTCA GATACAATAA CGGTAAATGC ATCAGATACT TCTGAAATAC CAACCGCAGC 660

	TGCTGCTGCT GCAATCTTCG TGCCTTGAAT AATCATTGCA CCATCATGTA AAGGTGTGTT	780
	AGGTATAAAG ACATTAATTA AAAGTTCTTG CGAAATATTT GAATCCATTG CAATACCTGT	840
5	TTCAATATAA TCTTGAAGAC CTGTTTCTTT TTCAAAGACA ATTAATGCAC CTATACGTCT	900
	TTTAGCCATA TATTGCACAG CCTTTGAAAC CGATTGAATC AATTTCTCTT CATCTTTACT	960
	ATACGTATTA GAAGTATAGC GTTTTAAAAA GCTACCTCTA CCAAGTTGTT CTAACGCACG	1020
10	TCTAATTTCT GGTGGAATA TTACTATTAA AGCTAATACC CCCCATTGAA TAACGATATC	1080
	GAATAATTTA GATGTTGCAG TCAAGTTCAA TATCATACTT ATCTGCTGAC CAATAACAAT	1140
	TACTAATATC CCTTTAAGTA ATTGTATCGC TTTAGTTCCC TTAAAGACCG TGATGAGAAG	1200
15	ATAAAGTACA TACCAAACTA TCAGTAAATC AAGGATACTC GTTACAATTT TTAACGTACT	1260
	GAGGTTTGA AAAAAGTTGG AAAAATCCAT AACATCTCCT CCGGTAATA TTTTCCATA	1320
20	ATACCCATTA TACCAATCAT TT	1342

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 414:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1073 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 414:

	CTGTATAAAG ATGGAGGTGT TTTGCATGGT AAAACGTACT TATCAACCAA ATAAACGTAA	60
	ACATAGTAAA GTTCATGGTT TCAGAAAACG CATGAGCACA AAAAATGGCC GTAAAGTTTT	120
35	AGCGCGCCGT CGTCGTAAAG GCCGTAAAGT TTTATCTGCA TAAGATCACT GACTCATCAG	180
	TGATCTKTTT TTTCTTTAA ATTAAGAATA AATAGAAATT TATGTTATAA GCTCAATAGA	240
	AGTTTAAATA TAGCTTCANA TAAAAACGAT AATAAGCGA GTGATGTTAT TGGAAAAAGC	300
40	TTACCGAATT AAAAAGAATG CAGATTTTCA GAGAATATAT AAAAAAGGTC ATTCTGTAGC	360
	CAACAGACAA TTTGTTGTAT ACACTTGTA TAATAAGAA ATAGACCATT TTCGCTTAGG	420
45	TATTAGTGTT TCTAAAAAC TAGGTAATGC AGTGTTAAGA AACAAGATTA AAGAGCAAT	480
	ACGTGAAAT TTCAAAGTAC ATAAGTCGCA TATATTGGCC AAAGATATTA TTGTAATAGC	540
	AAGACAGCCA GCTAAAGATA TGACGACTTT ACAAATACAG AATAGTCTTG AGCACGTACT	600
50	TAAAAATTGCC AAAGTTTTTA ATAAAGAT TAAGTAAGGn TAGGGTAGGG GAAGGAAAAC	660
	ATTAACCACT CAACACATCC CGAAGTCTTA CCTCAGACAA ACGTAAGACT GACCTTAGGG	720

TTTAGATACA ATTACGAGTA TTTCAACACC AATGGGTGAA GGGGCAATTG GAATTGTTTCG 840
 ATTGTCTGGA CCGCAAGCCG TTGAAATTGC TGACAAATTA TATAAAGGAA AACATCTTTT 900
 5 AAATGATGTT CCATCACATA CGATTAATTA CGGTCATATT ATTGATCCAG tCTAAAGAAG 960
 TGGTTGAAGA AGTTATGGTG TCTGTGTtAA GAGCGCCAAt AACATTTACA CGCGArGATA 1020
 TTATAGaGAT TAATTGTCAT GGTGGtATTk TAACGATTAA TAGAGTGCTG GGA 1073
 10

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 415:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3176 base pairs.
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 415:

CTTTACCAAT GCCAAATCCG AAGTAAAGTA TAGCAATAAA GATTACTAAT ACAATTCTGT 60
 AAATGGCAAA TGGAATTAGT TTGATTTTGT TAATTAGATG CAAGAATGTT TTGATTGCAA 120
 25 TTAGTCCAAC AGTAAATGCA GCTAAAAAGC CTAAAAATATA AAAAGGTATA TCAGCAATCT 180
 GAATATCTTG ATAATGTTTT AATAAAGATA AACCAC TAGC TGCTAACATA ATTGGAACAG 240
 CCATAATAAA TGTAAGTCC GATGCTGCTT TATGATTTAA TTCATTAAT ACCCCAGTTG 300
 30 AAATTGTTGA GCCTGAACGG CTGAAACCAG GCCACATAGC TACTGCTTGA gAAATACCAA 360
 TTACAAATGC TTGGAAATAA CTGATTTGAT CTACTGTTTG TGGGTTTTTA ACTTTAGCTG 420
 AGTATTTATC AGCAATAATC ATATAGATAG CACCTACGAA TAAGCCAATC ATAACAGTTG 480
 35 GCACACTAAA TAAATGTTCT TCGATGAAAT CATCAAATAG TAAGCCTAAA ATACCTGCTG 540
 GCACCATAAC CACTAATACA TGTAAATAAT TTAAACGTCT TGGCTTTGAA CGTCTTTGTT 600
 GATCGTTATC TCCTTCAACA TGTTTGTGTT TACCAATATG TAAAATCTCT AAGAAGCGTT 660
 40 CGCGGAACAC CCATGCTGCT GCAAAGACGG ATCCTAATTG GATGACGATT TTAAATGTAA 720
 ATGCTGACTG AGAACCTAAA AATTCAGATG ATTTTAACCA CATATCATCA ACTAGGATCA 780
 45 TATGTCCAGT AGAGGAAACA GGTGCAAATT CTGTTAATCC TTCGACGACC CCTAAGATAA 840
 TACCTTTTAt TAATTCAATG ATAAACATAA TGTACCCACT TTCATTACTC AATTTAAITTT 900
 ATTTAAATAT CAAAATTACC ATATCATGAT AGCATATTCA TTTAAAGACA TGCTAGTTAT 960
 50 AGTTATAATA CTAGACTAAA GATGTATATA TTCATTTTCT TTTACATGTA AAAC TACAAT 1020
 ATTTTATTGA GCTATTTAAT TTGATTTTAA GGAAAACCTT TTATAATAGG TTTAGGTGAT 1080

	TTCTTGGTCA GTACTGGTCT CGGCATAATC GTTATAACGC AAAATATTTT AATAGCAGAT	1200
	TTTTTAGCTA AAATTATAAG ACATCAATTT CAAGGTTTAT GGATTGTATT ATTTATTTTA	1260
5	TTAGGTGTTT TACTTTTAAG AGCAACTGTG CAATTTCTAA ATCAATGGTT AGGTGATACA	1320
	TTAGCATTTA AAGTTAAGCA TATGCTTAGA CAGCGGGTTA TTTATAAAAA TAATGGTCAT	1380
	CCAATCGGTG AACAAATGAC TATACTCACA GAAAACATTG ATGGTCTAGC ACCTTTTTTAT	1440
10	AAGAGTTATT TGCCTCAAGT GTTCAAATCA ATGATGGTTC CGCTCATCAT AATCAATTGCA	1500
	ATGTTTTTCA TCCATTTCAA TACCGCATTa ATTATGTTAA TAACTGCACC ATTTATTCCT	1560
	TTGTTTTATA TTATTTTCGG TTTGAAAACG CGAGATGAGT CAAAAGATCA AATGACTTAT	1620
15	TTGAATCAAT TTAGTCAACG GTTTTTAAAT ATTGCTAAAG GTTTAGTGAC GTTAAAGCTA	1680
	TTTAATCGTA CAGAGCAAAC AGAGAAGCa ATTTaCGACG ATAGTACTCa GTTTAGAACT	1740
20	TTAACAATGC GCATTTTaCG CAGTGCTTTT TTATCGGGAT TAATGCTCGA ATTTATAAGT	1800
	ATGTTAGGTA TTGGATTGGT TGCATTGGAA GCAACGCTAA GCTTAGTAGT ATTTCATAAT	1860
	ATTGATTTTA AAACGCGGC AATTGCGATT ATTTTAGCGC CTGAATTTTA TAATGCAATT	1920
25	AAGGACTTAG GGCAAGCGTT CCATACTGGA AAACAAAGTG AAGGTGCCAG TGACGTTGTG	1980
	TTTGAGTTTT TAGAACAACC GAACTATAAT AATGAATTC TATTAAAGTA TGAGGAAAAC	2040
	CAAAAGCCAT TTATTCAGTT AACAGACATA TCATTTTCGAT ATGATGATTC TGATAGATTG	2100
30	GTATTAAATG ATTTAAATTT GGAAATATTT AAAGGTGATC AAATTGCACT TGTAGGTCCA	2160
	AGCGGGGCGAG GTAAATCCAC TTTGACACAT CTTATTGCAG GTGTTTATCA GCCAACAATA	2220
	GGTACTATAA GTACAAACCA GCGTGATTTA AATATAGGAA TACTTAGTCA ACAGCCATAT	2280
35	ATTTTCAGTG CTTCTATAAA AGAGAATATT ACGATGTTTA AAGATATAGA AAATAATACT	2340
	ATTGAAGAAG TGCTAGACGA AGTAGGTTTA TTAGACAAAG TGCAATCTTT CACAAAAGGC	2400
40	ATTAACACAA TAATAGGTGA AGGAGGCGAA ATGTTATCTG GTGGACAGAT GAGACGCATA	2460
	GAACTTTGCC GTCTTTTAGT TATGAAGCCA GATCTCGTTA TATTTGATGA GCCTGCAACT	2520
	GGTTTAGATA TTCAAACAGA ACACATGATT CAGAACGTTT TGTTTCAACA TTTTAAAGAT	2580
45	ACAACGATGA TTGTCATTGC ACATAGAGAT AATACAATTC GCCATTTACA ACGACGCTTG	2640
	TATATAGAAA ATGGAAGACT GATTGCTGAT GATCGCAATA TTTCAGTAAA TATAACAGAA	2700
	AATGGTGATG ACTTATGAAA ACACGACTAA AATTTCAAGT AGATAAGGAT TTATTGTTAG	2760
50	CTATAGTTGT TGGTGTGTTT GGAAGTTTAG TTGCGCTCGC CATGTTTTTC TTAAGTGGTT	2820
	ATATGGTGAC ACAAAGTGCA CTTGGTGCGC CACTATACGC TCTGATGATT TTAGTCGTTA	2880

55

ATAAAGCTAC	ATTTACAATG	CTACGTGATA	TTCGGGTACA	GTTTTTCGGT	AAATTAGTAA	3000
ATGTCATTCC	TAATGTTTAC	CGTAAACTGA	GTTCTAGTGA	TTTAATTTCA	CGTATGATTA	3060
GTCGTGTTGA	GGCATTACAA	AATATAKATT	TACGTGTTTA	TTATCCACCA	GTCGTCATCG	3120
GTTTGACAGC	GCTAGTTACA	GTCTAGTTT	TGGCGTTCAT	TTCAATCGGC	CATGCG	3176

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 416:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 2109 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 416:

TCTTTATTTT	CAATTTCCAAT	TGAATTTTTT	TATTATTTAC	GCATAGCTCT	TAAAATTAAC	60
GTTACGATTG	CAATTAAGAT	AATTGAACCA	ATTAATGCTG	GCAAGATGTA	AATACtTCCT	120
AATTCAGGAC	CCCATTGTCC	GAATAGTTTG	CCACCTACCC	ATGATCCAAT	AATACCTGCG	180
ATAATATTGC	CTAAAATACC	ACCTGGGATA	TCTTTACCCA	TAATAGCACC	AGCAGCCCAT	240
CCAATTAAGC	CACCGACAAT	TAACATTCCA	ATAAATCCAA	ACATAATTTT	CAGTCTCCTT	300
TTTCTATTTA	TTTTGCGTTA	TTCTAAGTAG	TACCCCTTAT	TTACAATTCT	AAAACAAATT	360
CAAATTATTT	TTATCCAAAT	ATTTTTAAAA	GTAGTAATTG	AATATCAATT	TTATTCAATG	420
TAGCTATCGT	TATTTAAAGT	CTCTGTACCG	ATAATATCAT	ATACATTTAC	ATTATTTTTT	480
CTGCCGAATT	CATAGCTTGA	TTATTTTATG	TTATAGGACT	AgaATATACA	CATATTATTA	540
GAGCATCTTT	GAATTTTAAA	TCAAGAAGCG	AGGTTAATGA	ACAATGAATA	TGCATATTTT	600
ATATaACTTA	CGAACTAAAC	ATAATTTAGA	AATTGACGAA	TTAGCACAGC	AATTAAATGA	660
GAAATATGGT	ACTAAATATG	AAGCACATCA	AATTTGGGAA	TGGGAGAATC	ATCACCATGA	720
ACCTAAATTT	AAAGATGCCA	TGCATTTAGC	TGACTtCTTT	GATGCACCAT	ATGAAATGTT	780
TTTAGAAAGT	AAGGTTAAAG	AATATCAGAA	ACATTTAGAA	GAAGTCGATA	TTCGCATGGA	840
TAAATAGATG	CAAATAAACC	CTCACAACAC	GTTTGGCATA	TATCCTTTCA	AATCTATACT	900
GGATATATTA	CATTACGTTG	TGAGGGTATT	TTATTAATTA	ATATGAATTA	AGACATTTTA	960
CAAGCGTTAA	TGCAACGAAT	CTTTTtagTG	ATCTTGCTCA	CTCTTTAATA	CTTTACCGTT	1020
CTTAGCATCA	ACAGTAACTT	CTTGTTTTTT	ATTACCTTTT	TTCAAATCGA	TATTGTAAAC	1080
AAGTTTGCCA	TCATCTTTTT	CAAGTGACCA	TTCTTTAATA	TCACCATCAA	ATTCTTTTTG	1140

5 ATTCATTGTA TCTTCTTTTT CAGTCTTTTT GTTAATCACT TTTTATTTT TATCAGCAAC 1260
 AAGTACTTCT GACTCTTCAC CAGATTTTTG TTGCGTCACT TTATAAGCCC ATTCACCATT 1320
 10 AGAATTTTCA AATGAAATTC CTTTCAACTT TTGGCCTTTG TAAGTTTCTT CAGCTTTTTT 1380
 CACAGCATCT TCTGGGCTTG TTTTAACATC TTTTAAAGCA ATAACATCTT TTGTGTATT 1440
 AGTGTCTTGA TTAGTATTTG ACTCTGTGTA TTTTGTTC A TCTTTTGGAG TATCATTGCC 1500
 15 ACATGCAGTA AGCACCACCG CTGACATTGA TAACACTGCT AATGATTTTA ATTCATAAT 1560
 ATCACTCTCT CTTCTATT T TGAAACTCA TAACAAAAGC TTATATGCTA TATAGATTGT 1620
 ATTACCCCTT GTTTTTAATT TTATTCATAA TTATTACAAA TATTTTAAA TTAATCGTCA 1680
 20 TCGGTTACTT TCGTTCGTAC TCCTTTTATA AATGAACCAT GTAATATAAG CATGCTATTA 1740
 TCGACTCAGT TTGTCTAATG CTTTCTTTGG TACTTCTTCC TTTTCAACTT CTTCAAAAGT 1800
 TTCTACATGA TGACCTTTAT GTGTAATTTT CAAGTATCTA TGCGGTTTAA CATCAAATGT 1860
 AGCAGTATAC ATTAATTGCG TCTCTTTCCC TTCTTTATTA AAAACACTTT GACTATAACT 1920
 TCGGAGTTGA TCATCCATC TAGTAGACAC CTCTGTCGTT TTAACATAAG AATCATCCTT 1980
 25 CTTTACTAAT GGGTTAAATT GATCTGTTAT ACCATGGGAG TCTATTGTTT TTAAAATGAA 2040
 TAAAGCagCA TAAGCGCCAA TGATAGTAAG TACAAGATat GtKATTGTTT TTAAAATCGT 2100
 TTCAAAAGA 2109

30 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 417:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 813 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 35 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

40 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 417:

40 GTTACATAAA TGAAAACAAA AAAGATAATT TTAGTGCTTA TGCTACACCA GAACATAATT 60
 ATCAATTGG TGGTGCTATG ATAGAAAGTG AAAAATTAAG CGAGTTACTA AAGCCAGCCA 120
 45 ATCAGTTAAA ATCACCAGAT GATATAAAAA AAGAACTAAA TAAAAAGAAG AGTCACTAAA 180
 GTTAGGAGTT ACTTTAATGT CCAAAAAACA TGTTTTTATA ATTATTGGTG TCATATTGTG 240
 TATATGTACA GTTTCTACGG TCATGCATTT TAAAATGAAA TATGATGAAA AAGAAAAACA 300
 50 AAAAGCGATT TACTACAAAG AACAACAAGA ACGTATTACA CTCTATCTTA AGCATAATAC 360
 TAAAGAAACG AACACGATTA AATCTGTACA TTTCACAAAC TTGGAAACAA GTCCTATGGG 420

55

ATCGCCTGAA CATAATTATC AATTTGGTGG CGCTATGATA AAAAGTGAAG GAGTAGATAA 540
ATTATTAAAA CCAGCACATG AAAGAAAATC ACCAGAAAAA ATCAAAGAAG AATTAGATAA 600
5 AAAAGAAGGC CACTAGGGTC TTCTTTATTT TTGATTTAAT CTTCCAATAA TCTATGTCAT 660
TGCTATCGAA GGTGTTTCGC AATTAATATA AATCACTTCA TCATCACCAA TACTTCCCA 720
GTTTTGTACA GTACATTAAAC ACAAACGAAC CACGTTAATT TAAATGGAWT AaTAGTTTGG 780
10 CCATTATAAG AACAATATAT ATCGAntAAC AAT 813

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 418:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 640 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 418:

AAAAGCAATC GTTGGTGGTG CTAAATTCAT CGGCAACTCA TATGTAAAAG CTGGTCAAAA 60
25 TACACTTTAC AAAATGAGAT GGAATCCTGC ACATCCAGGA ACACACCAAT ATGCTACAGA 120
TGTTAGATTGG GCTAACATCA ATGCTAAAAT CATCAAAGGC TACTATGATA AAATTGGCGA 180
AGTCGGCAAA TACTTCGACA TCCACAATA TAAATAAGCA ACATGAACAT AGGATCAAAA 240
30 GTCATCCCCC ACTATCAATC ATGGGGGATG ACCTTTGATC CCTTTTTTAT ACATACACAA 300
GCAAAAATAG CGGTGATTGT TTACCATCAA TTTTAACAAT CACCGCTACT TTTGCTTGTA 360
ATTATGATT CAATTTTTGT TGTGTGCACA ACGACACTAA ATTATGTGTT TGCTATTGTC 420
35 GTGTTACAAC GATATGCGTC GTTGATTAA CTTATCAAGT AATTGATTAA AATTGTCTAA 480
TTGACTTCC GATAAACATT GACATCTTGC TTCAATCAAT TCGCAACGTG CATTATTTAT 540
40 TTGTGAAATT AATGTACGTG CTTGATCAGT CAAAATTAAT TCTTTACATC TTAAATCTTC 600
GCTAGATTGT TGACTTGTGA TGTACCCnnt CAAACTAAT 640

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 419:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1159 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 419:

TTCTTGATA CGTAATAAAT TACCTTTTGT CATAGGATTA AACATAGATC CAGGTAAAAAC 120
 ATAAACATTT CTATTTTGCT CTAATGCAAA ATCTATCGTG ATGTGACTGC CACTTTGTTC 180
 5 CTTAGCCTCA GTAATTAAAA CCCCTTTTGA CAAACCGCTG ATAATTCTAT TCGCTCAGG 240
 AAATCTATAT TTAGCGATTG GTGTATGTGG TGGATATTCA GATATAACTA AACCTTTTTC 300
 TTCTATTTTA TTTCTTAATG CTAATGTACT TTTGGGATAA TGTGTTTGAT GGCCAAAGGC 360
 10 TAAAACTGCA ATTGTAGGGA GATTGTATTT TAAAGCTATT TGATGTGCCA TTGCATCAGC 420
 TCCTTGAGCA AGGCCGGAAG CAATTGTAA ATATTTGCTT TTATCATTG ATAATAAAAA 480
 TTCTAAAGAC TGTGGGTAT AACTGTAGA ATCTCTTGCA CCTACTACTG CCAAATGATG 540
 15 CATATTATTT ATTAATTTGA TGTCCCTTT ATAGAAAAGA AGTAATGGAA ATTGATATAT 600
 TTCTTTTAAT AGCACTGGGT ATCAGAATC CATATATGTA ATGTAACCTA CTTTTAATTT 660
 CTGCAGTTCT TTAATAATAT CGTTATGATC AAGTTTTATA AAAGCATAGT ATTTACGTAA 720
 20 TAAATGAACA TTTTCTTCCC TATTCACCCA TTCACATAAA TAACTATCTT TTTTCTTCC 780
 CTCCTCTTTA ATTACATTAG GATATGCCAT TAAAAATTGA TGAATTTGTT TAGTCGAAAA 840
 GTGTGCCCAG TATAACTTAA GCAAAAATAG TTAAATCAAT AAATCAACTC CTTTTGTAA 900
 25 TCATACAAA TCATATTCTA TTTTGTGTTT ACATTTCTAA TACAAAAACA TTGTCGATGT 960
 AATGTTATTT TAAGGAGTAA AAATACTGAC TAAAAAGTG AAAAGTATGT TGGAAAGAAT 1020
 30 TTAAATTTT AATTCCAAC ATACTTTATA ATTAAACCTT ATAAATAAGT TTTGCAAATT 1080
 TATATAGAAT TGGTCTTACT GGTGTGATGA AATCACCAT TAATTCTTCA ACATGTGCAT 1140
 TAAAACCTT TTTAAATTG 1159

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 420:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1879 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 420:

TCAATCAGCG ACTACAAGAA GTGCGGGTCT TCAAACAATT GATGTGACAA CACTAAGTGA 60
 CCCCACTAAT ATTATCATGG GTATTTTAAAT GTTTATAGGA TCTTCGCCAA GTTCGGTTGG 120
 50 TGGCGGTATT CGTACAACAA CTTTCGCTAT TTTAATTTG TTTTAAATTA ACTTTAGTAA 180
 TAATGCCGAT AAAACATCCA TTAAAGTTTA CAATAGAGAA GTACACATTA TGGATATTCA 240

	ATCAGCTACT GAAAATGGTA AGCTTACATT TTTACAAGTA TTTTGAAG TCATGTCTGC	360
	ATTTGGAAC TGTGGACTAT CGCTTGGTGT CACAAGTGAT ATTAGTGATA TTTCTAAGGT	420
5	CGTACTAATG ATACTCATGT TTATAGGACG TGTGGCTTA ATATCATTTA TCATTATGAT	480
	AGCAGGACGT CGAGAACCAG ATAAATTCCA TTATCCAAA GAACGTATTC AAATAGGATA	540
	ATATAATAGC AATCTAAGTT TAGTTAATGT AGATTTTAAC TGGAACTTAG ATTGCTTTTT	600
10	TAGTTTGTAT TTTTAACTTA TTTTATAAGA CGATTGGTTT CGAAAATGGT AAAC TAGTAA	660
	CAATGAGAGG TGTAACATGA TGGAAAAA TGAAACATT AATGTAGAGA TTTTAACTAC	720
	GTCAGATATG CATAGTCATT TCTTAAATGG TGATTATGGT TCAAATATTT ATAGAGCTGG	780
15	TACTTATGTT AACCAAGTAA GAGCACAAA TCATCGCGTC ATTTTATTAG ATAGTGGCGG	840
	AAGTTTAGCT GGCTCGTTAG CGGCCTATTA TTATGCTATT GTTGACCTT ATAAACGACA	900
20	TCCAATGATA AAGTTAATGA ACAGAATGCA TTATGATGCT AGCGGTGTGA GTCCAAGTGA	960
	ATTCAAGTTT GGTTTATCAT TTTTAACTCG TTCAATTGCT TTGGCACGTT TTCCATGGTT	1020
	ATCAGCAAAT ATTGAATACA ATGTTACTAA GGAGCCTTAT TTTTCAACTC CATATTGTAT	1080
25	TAAACATTTT GGTGACTTAA AAATTGCTAT CGTAGGCGTC ACAGCAGATG GTTTAATGGA	1140
	AAATGAGTAT TCTGAAATGG AGCAAGATGT ATCTATTGAA AAGACATTAG TGGCATCAAA	1200
	ACGTTGGATT AGATATATCC ATGAAGTTGA AGAGCCAGAT TTTTGTATTG TAATTATCA	1260
30	TGGTGGATTG AATAAAATTA GTAATAGTAC GAAAAATAAA AAGGCAAGTT CGAATGAAGC	1320
	TGAAAAATTA ATGGAAGAAC TCGGTGTTAT AGATTTAATG ATTACAGCTC ATCAGCATCA	1380
	AACAATAGTA GGTCAAGATC ATGAAACGTA TTATGTTTCAAG GCTGGTCAAG ATGCCAAAGA	1440
35	GCTTGATCAT CTTTCGATTA ATTTTAAAA GAGAACAACA ACTTATGATG TTGAAAGCAT	1500
	TGATTCTAAA GTGATTGACT TAAATGAGTA TGAAGAGGAT CAAGAATTAT TAGATTTAAC	1560
40	ATTCTATGAT AGAAAAGCAG TGGCTTATTG GTCACAGGAA ATCATAAGTG ATAAAGGTTT	1620
	GATGTTATCA GTAAATGGGT TACAAGATTT AGTCTGTCAA ACACATCCAT TTTGCAATT	1680
	ATTACATGAT GCAATTCACC TTGCATTTGA TAATGATATA ACATGTGTCC ACGTGCCTAT	1740
45	GaACGGAGAG AAGGGGTTGA GTGGACAGAT TCGAAATGAA GrTTTGTATC aTGCATACCC	1800
	ATaTCCAGAT aAGCCATGGG tATGACAATT aGTGGTCAAA ATaTCAAGGT ATnTTGGGGT	1860
	ATAGTTATTC ACCATTAGG	1879

50 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 421:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 2710 base pairs

55

(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 421:

	AATTCCCCCT TTTTCCCCAT CCATTTTnCC ATCCACTGGT CCTTACGGGA CCATATTATT	60
10	TnAAATTGGA nAAAATTATt TTAAAGaTTA TwACTACTCT TtAATCATTt TrGTGAATTA	120
	AAAAAAGTAG TGCAAAAAGC AAAATATACT TTATACACTA CAAATCATTt ATTTATAATA	180
	AAGTTTCACC AAAAAATGTT CCAACTAATG AAACCGCTTG TTCAGCAGTA TGATTATTAC	240
15	TGTCAATCAA TGGATTtACT TCAACTAAAT CCATTGAGGA AATTAAATGT GATTGATGCA	300
	GTAATTCCAA TGCAAAATGG CTTTCTCTAT AACTAAGACC ACCCAAACT CTAGTACCAG	360
	TGCCTGGCGT TTCAAGCGGA TCTAAAGCAT CAACATCTAA AGATAAATGA ACGCCATCAA	420
20	CATTGCGTGA CTTCAAAATAT TCTATTGTAT TTTCAATTAC TTCCTTTATC CCCAATTtAT	480
	CAATATCTGA CATAGTAAAT GTTTAATAT tATGATCTTT GATAAATTGT CTTTCACCTT	540
	TATCTAAATC TCTCATACCA ATTAGTACGA TgnTTTCTGG CTTGATTACA TTACnATTtA	600
25	ATTCTAAAAG TTCTTTGGGA CCTTCGCCTG TCAAAATCCT TAGAGGCATA CCATGAATAT	660
	TTCCACTTGG TGACTCTTCA GGTATATTtA AATCACCATG TGCATCATAC CAAATAACAC	720
	CTAAATTATT ATAATGTtTA CTTATTGCTG ATACTGAACC TACCGCAATA GAATGATCTC	780
30	CACCAAGAAC TAGAGGAAAT CTGTTATTTT CAATTGATGC TGAAACCTCT TTATTTAATT	840
	TTTGATTAAc ATCTATAATT TCATCATAAT TTCTTAATCC TTTTtGTTCA CTATGAAATT	900
	TTTCAATGTT CACAGCAGGt ACCTTAATAT CCCCCTTGTC ATATACATCA AGGTCTAATT	960
35	GCTTTAATCT TGAAATTAAAT CCAGCATATC TAATTGCTGT TGGTCCTAAA TCAACACCTA	1020
	ATTTTCTTTG TCCAAATGTT GATGGTGCAC CTATAATATC AATTGCTTTT GTCTTTGTCA	1080
40	TAAGCGTCCC CCTTTGCTCT ATGTAAATTAA AGAATAATGT ATGCGCTTAC CATTATCAAG	1140
	CAATAGCTAC ACATATAATC TGTTTATCTT ATTACTTCAT AAAAAAAGGT TCTTCATCTT	1200
	TTATGGTGGG AAGGTAAAC TTCCTGCTTT TTTTAATACA CAAAAAGCGC AATTGCCTCT	1260
45	ATAATTTAAA GTGACCAAAC CCAAACTAAA GGAGACAAGT GCGCCTATGT GTAATGATAC	1320
	CTTAGAATTA CTAAGAATAA AAGATGAAAA TATAAAATAT ATAAACCAAG AAATTGACGT	1380
	CATTATCAAA GGAAAAAAG CAACAGTGGT TAATGCTGTA CTAACGTATA AGCCTTCGGC	1440
50	CTGTTATTGT TGTGGAGTTA AAAATGAAGG ACAAATTCAT AACATGGTA AGCGTGTtTC	1500
	TCGTATTACT TTACTTAAAA CTCAAGGGTA TAACACATAC CTCAACTTAG CTAAACAACG	1560

55

GTGTTTTATC TCAAGATGTG TTA CTCAAAA AGTTATAGAA GAAGCTACTA AAGTTAAAAC 1680
 AGAGATTGAT ACTGCAGAAG ATA ACTGTAT CTCTCCATCT ACTGTAAGTC GTATTAGAAC 1740
 5 TAAAGCGGCT AATTCATTAC GAATTAAACC CTTTAATTGT TTGCCAGAAC ACATCGCTAT 1800
 GGATGAATTT AAAAGCGTTA AAAATGTAAC TGGATCAATG AGTTTCATTT TTATAGATAA 1860
 TGATACTCAT GATGTTATAG ATATTTTAGA AAATAGAACT ACAAGATTCT TCGGTGCCTA 1920
 10 TTTCGAGCGA TTCGATTTAA AAAATCGACA ACAAGTTAAG ACGGTTACTA TTGACATGTA 1980
 TGAACCTTAT GTCCGATTAT TTCGCGACCT ATTTCTTAAT GCAGCTATTA TTTTGTGACAG 2040
 ATTCCATATC GTTCAACATT TAAATAGAGA ACTTAATAAG TATCGTGTAC AAGTTATGAA 2100
 15 TGAATACCGT AATAAAAAAG GACCTGATTA TACAATTTTT AAGAATAACT GGAAAGTCCT 2160
 ATTGATGGAT ACTAGTAAAA CCATATTTAG TAAATACAGA TGAATAAAT CTTTAAAGGC 2220
 TTATAAACGC TCATCTGACA TTGTAGAATT CATGCTTTCA AAAGACGATA TACTACGACA 2280
 20 CTCCTACGAA CTTGTCCAAG GATTACGAAA AGACCTAAGG TTATGTAATT GGCCTAAATT 2340
 TATTAATCGT TTAAATTCAG TTAGTAAAAA GTCTGTGAGT AAGGGTGTAT GGAAAGTGGT 2400
 TAAATATTAT AGAAAACATC AAAGGATGTT AAGAAATACA ATTTATTACC CAGCATTTAA 2460
 25 TAATGGTGCT ATAGAAGGAA TTAATAATAA GATAAAATTA ATCAAGTGAA TTTCTTTTGG 2520
 TTACAGAAAT TTCAACAAC TTAAGCAGC TATAATGATG aTTTTCAGCT TGTACAAAGG 2580
 AGaAAAAAAG AAGACAACCA AGCCCAATAA TGGACTGGCC GCCTAATAWA nGGGskCTAA 2640
 30 AAGTTgTATT TTTAAAAATA GTTCCTTTAA ATTATATACC CnCCACATTT GGGGGAGGAC 2700
 CTA AAAAAGC 2710

35 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 422:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1027 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 40 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 422:

45 CATTTTAATT GtTaAAATTC CAAAAAatGT ArGTGGATTw AAAGrAAACC CtGTGTTTTT 60
 AAAAGGtACC ATTaAAATag TTCCGATTGT ACCATCCCAC GTGAAAtTTT TAgtAtTGCC 120
 GGTGaGAGAA AATGCCAATG CAATCATCGC AGTTCATAAT CATCCATCCG GTGATGTAAC 180
 50 GCCCTCACAA GAAGATATCA TAACAACAAT GAGGTTGAAG GAGTGTGGTT TGATTTTAGG 240

55

GGGTTACTTT GATGAAAATG ATTGAAGTTG ATAGAATTAA TGACGTATCT TGTGTATAAT 360
 ACCTACGAAG TACTTTTCATT GGAGGAAAAA TAGTGACTCT ATTTATTATT ATCGGGGTTC 420
 5 TCGTGCCAAT GGTTTTATACC ATGCAGTTAA ATATTAAAAA TGAACCTGTa ACAAAGCGCA 480
 ATCTTTTAAAT AACATTAGCT TTATCTACGT TAGGTATTTT AGTAACCGCG TTAGCAGGTG 540
 TAATCGTTAC GAAACAAGCT TTTCTTTTAT TAAGTGTAGC AATTGGCTCA ATTTTACTG 600
 10 GAATCGTTTG GGGCCTTTTA CTAAGTGGTA GcTACGCGCT GATACGATT TATCTAACG 660
 CATTTGGGCG TAAGTAATAG TAATCTGTTT ATCAAGTAGT ATCCGTGCTT GAAAACAAAC 720
 TAAAACTCCT AATGTGGAAC TAGTTAAAAA ATTCTAACT AGTACATTAG GAGTTTGTG 780
 15 ATGCAGAATA AATTTAATTG TTAAATTGAA AGTGCGGTAA AAATCCACTA TTTATTTGAA 840
 AAAAAATCGAG CAACCAAATT AAACCTTGAT ATCCTAAGTA AATACATAAT AAAACAAGTC 900
 CGACATAAAT TAAAAATCGC AAAATAGAAA GTCCAACCTCT AAAAAGGAGG ATGACTAATA 960
 20 GTGCTATTAA AATAATTGt AGTATACTCA ATGCTACAAA CCTCCTArTA CGCTTTTAAA 1020
 TCCATAA 1027

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 423:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 569 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 423:

CGGCACATTT TTAATTTATA CATATTTTAA AACTAAGTAA CAGTTTGAAG AAATCGTAGT 60
 TCAATAATGT TAATTGTGAA AATGTATATA AACATAAAAA AATCATGTAT AATATATGTT 120
 GTTAATTAAA CAGTTGAAA GCGAGATGAC ATTATGGGAC GTAAATGGAA TAACATTAAA 180
 40 GAAAAAAGG CCCAAAAGA TAAAAACACA AGTAGAATAT ATGCGAAATT TGGTAAGGAG 240
 ATTTATGTTG CAGCAAAATC TGGTGAACCC AATCCAGAAT CTAACCAAGC TTAAAGGTTG 300
 GTGCTTGAAC GCGCTAAGAC ATATTCAGTG CCGAATCATA TTATTGAAAA AGCAATAGAT 360
 45 AAAGCTAAGG GTGCTGGAGA CGAAAACCTT GATCACCTAA GATATGAAGG ATTTGGCCCA 420
 AGCGGATCAA TGCTAATTGT TGATGCGTTA ACAAATAATG TAAATCGTAC TGCCTCTGAT 480
 GTGCGAGCTG CTTTGGTAA AAACGGCGGT AATATGGGTG TATCTGGATC AGTTGCTTAT 540
 50 ATGTGTGCAT GTGGCCACAT TTGGTATTG 569

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3264 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 424:

10	TGGACCTATA AAATGGATGC ATCCAAATAT GGATGnGGGG TAnGGCGGga AAATAGGaGG	60
	TTATATAGTA AGTCATTTAA GTCGAATAGC CATCCTTTTT AAAATGAAAA AAATAGAAAG	120
	CTCAATAGTT TGTTAAAGCC TTAAATAGC GTCGTTACGC AATTTTAGAA TGCTAAAAAT	180
15	TGTCACAAAT TTCAATTAC GTGCTAAAGC TTGAGATATC AATATTTATT GGCGATAGAG	240
	TGTAATTTGA CTCCGCTTAC ATCTCAGTTT TATGTTTGTA ATTTGGTAGC ATAATATTAT	300
	AATAAAATAA AATTGTTAAT CTTTAATTTT AGTATAGATA TTTTACGTG TAGTCACGTG	360
20	TAAATAAAT TCAATTAGGT TAGGAGACAT AATTATGAAA ACATTTGGTA AAAAGGTTGT	420
	ATTAATCGGA GATGGATCTG TAGGATCAAG CTATGCCCTT GCAATGGTTA CGCAAGGTGT	480
	TGCTGATGAA TTTGTAATTA TTGACATTGC AAAAGACAAA GTAAAAGCAG ATGTTCAAGA	540
25	TTTAAACCAT GGTACAGTCC ACAGTCCTTC ACCAGTTGAT GTGAAAGCAG GTGAATACGA	600
	aGaCTGTAaA GATGCAGATT TAGTTGTTAT TACAGCTGGT GCACCTCAA AGCCAGGTGA	660
	AACACGTTTA CAATTAGTTG AAAAAAATAC TAAGATTATG AAGAGCATCG TTAAGAGTGT	720
30	TATGGATAGT GGCTTTGATG GATATTTCTT AATCGCGGCA AACCCTGTAG ACATTTTAAC	780
	AAGATTTGTA AAAGAATATA CTGGATTACC AGCAGAGCGT GTTATCGGTT CAGGTACTGT	840
35	ATTGGACAGT GCACGTTTAC AATATTTAAT TAGCCAAGAA CTGGTGTTG CACCTTCAAG	900
	TGTTGACGCT AGTATTATTG GCGAGCATGG TGATACTGAA CTGTCAGTTT GGTCAACAAGC	960
	AAATGTAGCA GGTATTTTCA TATATGACAC ATTAAAAGAA CAACTGGTA GCGAAGcTAA	1020
40	AGCGGAAGAA ATTTATGTGA ATACACGTGA CGCTGCTTAT GAAATTATCC AAGCTAAAGG	1080
	GTCAACATAC TATGGTATTG CATTAGCATT GATGCGCATT TCAAAAGCCA TTTTAAATAA	1140
	TGAAAATAAT GTCTTAAATG TTTCTATACA ATTAGATGGT CAATATGGTG GTCACAAAGG	1200
45	CGTTTACCTA GGTGTACCAA CATTAGTTAA CCAACATGGC GCAGTTAAAA TTTATGAAAT	1260
	GCCATTAAGT GCCGAAGAAC AAGCGTTGTT CGATAAATCT GTTAAACAT TAGAAGATAC	1320
	ATTTGATTCA ATTAAATATT TATTAGAAGA CTAAGCCTAT TTTAAGTATT AATTAGAAAT	1380
50	ATATTAATGG TAAGAGGATC TATTAGTGTT GCAGTAACAC GTGGCACTGA TAGGTCCATT	1440

	TATGACTCGT GAAAATTTAG TGACATGAAT AAAAATGTTG AGGCGTCATT GAGTATAAAG	1560
	GAAAGTAGTT CTGCATTAAT CACGAAGTAG AGCATGACma CGAGGAATAA CTATAGGGaG	1620
5	ATGGTTTTGG AATGACGAtG TCTTGTATCA ACATGGTACA TTAGGTACGT TAATGGCTGG	1680
	CTTACTAGAA GGCACAGCTA CAATTAATGA ATTGTTAGAA CATGGGAATT TAGGGATTGC	1740
	AACGTTAACA GGGTCTGATG GCGAAEAATA TTTTtagACG GAAAGGCATA TCATGCTAAC	1800
10	GAGCATAAAG AATTTATAGA ATTAaaAGGC GATGAGAAAG TACCGTATGC ATCGATTACT	1860
	AATTTTAAAG CGAGTAAGAC ATTTCCATTG CAACAATTAT CACAAGATGA TGTATTTGCA	1920
	CAAATTAAAA ATGAAATGTT AAGTGAGAAT TTATTTTCGG CTGTTAAaAT TTATGGCACA	1980
15	TTTAAACATA TGCATGTACG AATGATGCCT GCTCAGCAAC CGCCATATAC ACGTTTGATT	2040
	GATTCAGCAC GCAGACAACC TGAGGAAAAA AGACAAGATA TTCGTGGTGC CATTGTTGGA	2100
20	TTTTTTACAC CAGAAATTATT TCATGGCGTA GGGTCTGCTG GTTTTCATAT ACATTTTGCG	2160
	GATGATGAAA GAGCTTATGG TGGACATGTT CTTGACTTTG AAGTGGATGA CGTTGTCGTT	2220
	GAGATACAAA ACTTTGAAAC ATTCCAACAA CATTTCCCGG TAAATAACGA GACGTTTGTT	2280
25	AAAGCGAAAA TAGACTATAA AGATGTGGCA GAAGAAATTA GAGAAGCTGA ATAGTCTAAT	2340
	ATAATTAAAA GACCTTAGCG ATATTAGGAA CAGGTGGTTC TAAATGCATC GTTAAGGTCT	2400
	TTTTATATTA TATATGTGCT TACATATTTT GTTGATACGC GCGTAAAAAG CTATAAATAG	2460
30	TATCAAGATA TGGGGTGTCA AGAATGTGTT CACGTGCACG TCGATAAATA AAGCCTTGAA	2520
	TCGCTTCGAC TTCAAGAGGT TGCTGATGCG CAATGTCGTA ATACATGCTC GTTCCCATT	2580
	CGTCGGGATA ACCTTGATAT ATAGTCATAA TAGTATCGAC AGTTTGTTC TAAAAAGTTTA	2640
35	ACCCCTCTGC CTGTGCAACA CGACAACCAT CTAGTAATAG CTGTCTACAC AGTGTAACGTA	2700
	TTTCAGGATT ATGCATGATT GCAACGGTCT GTCTACCGAG TGCTGTGATA GAATTAATGC	2760
	CCAAGTTAAC TAACAATTTA TACCAAATAG CTTGTTGAAT ATTTGCTTCT AATACAATGT	2820
40	CGATTTGACT GTCTTGACC AAATCTCTAA ATTGTCGAGT TAATGCATTA TCTTGATAC	2880
	GTAATTGATA ATCTCTGAAG TCGGTAACAA CATCGCCTTT CTTTTGACCA CTTATATAGA	2940
	CAACTGCTTG GCATACGTTT TTAAATGAAA TAIGTTCGAG TTGACCATAA CCATTTTGGG	3000
45	CTAAAATGAT GAGCGTGTCC TCATGTGCAA GATGAGTTAA ATGAGGAATA ACTGCATCAA	3060
	GTTGATGTGT TTTGACTGCA ATAATAATAA CATCAAATGT GTTTGTGACA TCTTCATAAC	3120
	CTTTCACAAC AATATCTTGT GCAGGTGCAT GTGGTACAGT ATAATATGTT ATTGTTTTGG	3180
50	CGTGTCTCCC GATAAGCGTT GTATGAGGCA ATGATTGTTG TAATTCATAG GCAATAGTTG	3240

55

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 425:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 796 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 425:

```

AGAACGAACC TTTAATACGT ACGTGTGAC CACGAAGTGT CATGACAAAT TGATAAAACG      60
AATAGTTTTT CATTAGTTCA TTGTCACATC AATCACTTTT GTkTCACCTT TAATCACAGC      120
ATTTTCATCA TAAATATTAA TTGAAGCTGC TTGATCAGTG TTAGTAATTA TAATTGGTGA      180
AATTACAGAT TTAGCGTTAT TATTAATATA TTCAAGGTTG AATCTTACTA ATGGATCTCC      240
GACGTTAACT TCGTCACCAC TAGACACTAA CACTTCAAAT CCTTCACCGT CTAATTGAAC      300
TGTGTCTAAA CCGATATGAA CTAATAATTC TAATCCGTTA TCTGCTTTTA ACCCAATCGC      360
ATGCTTAGTT GGAAAGACAT TGTCACACG TCCTGCAATT GGAGACACAA CTTCTCCTTC      420
AGTTGGATTA ATACCAAAC CTTCGCCCAT CATTTTTTGT GCGAATACAG GATCTGGAAT      480
ATCTTCAATT TTCACGAATT CTCCAGTTAA TGGTGCATAA ATTGCGATAT CTTTCTGAAC      540
TTCTTTGCCT TTTCCGAATA ATTTTTTAAA CATACTTCC ACTCCTACTT ATCAAAATGT      600
GATATTAAAT CGCCATAACC CAATTCTTCT AACTTTTCAT ATGGAATAAA TTGAATTGCA      660
GCGGAATTGA TACAGTATCT TAAGCCGCCA CTTTCTTAG GTCCATCATT AAAGACATGT      720
CCTAAATGAC TATTGATTC TTCTGAACGC ACTTCAGTTC TCAACATACC AAATGATTG      780
TCGACTAATT CTATAA                                     796

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 426:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3393 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 426:

```

ATCCAGCAAA TCTTCTTAT CACGTTCTGT AATTTCTTA GTATCCATCT TGATTAGCTT      60
TGATAACTTT TCAGCCGTAT CCAACATTTT CGATTGTGTT GTTTTTCGAC CCCTAGTATA      120
TGTAATAGCC ATTTTAGAAG CATTATCAAC TAAAACTTTC CCATTCTGT CTAAAATACG      180

```

	ATGTGAGCCT TGTGCGATTT GTAAATAACC TAAACGTAGT ACTAGTACTG CAAAAATAAA	300
	TACAATCACA CCAAATATAA AGTTAATTCT CTTGTTAATT GTATTTTGAA CGATTTCATC	360
5	ATTTGATTTT TCTTTTAGTC TTTTAACAA AACTACCTAC CTCTATTCAA AGTCTTTCAC	420
	TTTAAATCAT ATATGAATTT AGAAATTATT TCTATCTTTT TGACAAAAAA ATAACGGTCT	480
	CATTCAAGAG ACCGAACAAG TAATCATACT TTATTTTGTT GCATTATATA ATTCGTCAAC	540
10	TTTTTCCCAG TTAACATCAT TCCAAAATGC GCCAATGTAG TCAGGGCGTT TGTTTTGATA	600
	TTTTAGGTAA TAAGCGTGTT CCCATACGTC TAAACCTAAA ATAGGTGTTT TACCCTCAGT	660
	TAATGGATTA TCTTGGTTTG GTGTAGTCAC AATTTCTAAC TGGCCATTGT TTACGACTAA	720
15	CCAAGCCCAA CCTGAACCAA AGCGTGACG TGCTTTGTCA GCAAATTCCT TTTTAAATTC	780
	TTCTAAAGAA CCCCATGTGT CTTTAATTTT TTCTACTACA GTACCTTTTT CTCTGAGTT	840
	TGGTGAAAGT AACTCCCAGA ATAATGAATG GTTTAAATGT CCACCGCCAT TATTACGTAC	900
20	AGCAGTTTGG ATGTTAGCTG GTACACTGTC TAAATTAGCA ACAATTTCTT CAATAGATTT	960
	AGATTCTAAA TCTGTACCTT CTAATGCAGC ATTTAATTTT GTAACATACG TGTATGATG	1020
25	TCTGTCATGG TGAATTTCCA TAGTTTCTTT GTCAAAATGT GGTTCCTAATG CATCAAATGC	1080
	GTATGGTAAT TTTGGTAATT CAAAAGCCAT AAATAATCAT CCTCCTAAAA TGTCTGTAAG	1140
	TAAATAATAA CAAGCAGTGA CTGGTTCAAC AAAGAATTTG CTTAAATTCT ACTACTTATT	1200
30	ATTTTCTCTA CTCATTTAAT ATAACCTCAA TCAAAAATAA TTAAACATTT TGTATATAAA	1260
	AAGTTAACAG ATTTGCCATA AAATCATACG AACGGAGTAT GAAATGAACC TTTATCTTCT	1320
	ATAATTTAAA AAATGAGATT TATGCATACA TCGGACCAA TGTGCATAAA TCTCATTTCT	1380
35	TTATAITTAAT CTTGGCAAGA CTCACATACA CCATAAACTT CAAGTTTGTG TTTGTGAATA	1440
	TTAACACCAG GTAGTGATAA TTTTATCTGA TCTATTGGAC AATAATCTAT TACCTTTGTA	1500
	TCTCCACACT TTTCACAGAT AAAATGATGA TGATGATGGT TTGTACAAGC GATTCTAAAC	1560
40	TTCAITTCAC CATCAAGTTC TGTATTTTCA ATAATTCCTA AATCTTTAAA TAAGTGCAGG	1620
	TTTCTATATA TTGTGTCGAA TGAAATTCCA GGATAATTTT CATCCATAAC TTGTTGTATA	1680
	TACTTTGCGT TTATATACTT ATCTTCTTCG AAAAAATAT CTAACATATC TTTACGTTTA	1740
45	TCTGTATATT TTAAACCGTT CTCTTTTAAA ATTTTAATAG CATCATTGT ATTCAATGAT	1800
	ATTAGCTCCC TTTTAAACT TCATTGCGAT TTTCTGATAA GCCATTGTAA TCATAAGTAA	1860
	AATAACAAGT AGAACTACAA TTACACCACC CGGAGAAATG TCCATATAGA AAGCTAGGAC	1920
50	TAAGCCTAAT ATTACTGATA ATTCACCTAA AAATACACTT AGTAATATCA ATTGCTTAAA	1980

55

TATCCCTACA ACACGCATTG AGGCAGAAAT AACCATCGCT ACAATAACAA TAAATAAAAA 2100
 TTGAATCCAT TTAGGAATGC CAATGACTTT ACTATATTCC TCATCAAATG ACAATATAAA 2160
 5 TAATTCTTTA TAAAACAATG TAATAACAG AACAACTATG ATGGCAATGA CAATAATCGT 2220
 TGTAAATCA CTTATATTCA CTGCGCTTAT TGAGCCAAAT AGCAATCCAA CAATTTCTTG 2280
 ATTGAACCCA TCAGCTAATG AAATGAAGAT TGCACTCAAG GCGATACCAG CACTCATTAT 2340
 10 AATTGGAATA GCAATTTCTT GGTAAGCAGT GTATGACGTT CTTAATTTTT CAATTAGAAG 2400
 CGCACCTACT ATTGCGAATA AGATTCCAAA CCACATTGGA TTAATAAATA CTAGTGTGG 2460
 CATAATAGTA AGTAAAAACA TACCGAAAGA TATACCACCT AAAGTTACAT GACTTAGAGC 2520
 15 ATCAGCTWTA AGTGATAGTC GTCTAACAAc GATAAAAGCA CCGaTTAGAG GCGCAATAAA 2580
 ACCTATCAAG ATaCACTAA TTAAAGAGTA CCTCATAAAA TCAAATTCa ATAATGCATC 2640
 TATCAATTGT GACACGCCTT TCCATTTTAA ATAAACTCAA ATCTTTATTA ATTACAACAT 2700
 20 TCTCGATTAT GCTGATGATC GACAAAACGT ACAGGATGTC CATAAATTTT TGAAATTTCA 2760
 ACTTCATCAA GTGATTTAAA CTCATCAGTT GTACCATGGA AATGCAAATG CTTATTTAAA 2820
 CATGCTACTT CAGTAGCAGT ATCTGCTACA ACACCGATAT CATGAGTAAC TAAGATAATG 2880
 25 GTGATACCTT CTGTTTTTAA TTGATCTAAA GTATTATAAA ATTCACCTAC ATGTTTTCGA 2940
 TCAATACCAT TCGTTGGTTC ATCAAGTACT AATACTGcAG GTTCTGAAAT CAATGCTCGA 3000
 GCAATCATTa CACGTTGTTG TTGACCACCT GATAATTCTG CTATATTTTT ATGAATTAAA 3060
 30 TCACCTATAT TCAGTCTTTC TAGTACTTTA ATCACTTTTT CATTATCTTT GCTATTAAAT 3120
 GTTTGGA AAA GACGTTTTGT CTTTGTTAAT CCGCTTAAAA CAACTTCTTT AACACTTGCT 3180
 35 GGGAAACCTG AATTAAAGGC ATTTGCTTTT TGTGATACAT AGCTTAATTT AATTGATGTT 3240
 TcTTATTTTT AAAATCAATA CCTTCAACAA AAATCTCACC ACTTTGTAAA GGTAAATAACC 3300
 CTAGAATCAA CTTCAATAAT GkTGATTAC CAGCACCATT TGGkCCAACA AwTGCEAAAA 3360
 40 ATTCACCTTT ATTTATTTTG AATGnnnTAT ATT 3393

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 427:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1123 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 427:

CCCTGTTTCT TAGCCTTTTC GTATATGCGT TCATAAGAAG AATTCTTTT GATTTCAGAT 120
 TGTAAGCAC TGTTTTCACT TGATTGTTTA TCTATTTTAT AATCTAAATC TGCAATCTTT 180
 5 CCTCGCGTAT CATACGCATC CATTMTTAAA GATAGCATAT AAATACTTAA CATAGCAATT 240
 ACAGTAATCA AAGTTATGTA TAAACTTTTT TCAAATTTAG TTAATTGTAC AACCACTTTT 300
 CTCGAAACAG TCTTCTTTTC GGGCTTAGTT TGTGGTTGTT GCTTCGGTAT ACTATTATAA 360
 10 ACTTGTTCTG CATATGGTGG GTACACTTTT TCTACAGCCA TTATAAATG CTCCTTATTT 420
 AAGTATTTCA GCTACACGTA ATTCGCGCT TCGTGCTCTG TTATTGTCAT CTAAATCTTC 480
 TTCGTAGCG GTAATCGGT TACGATTAAC ACGCTTTAAC TTAGGTGTAT ATGCTTCTGG 540
 15 TATAACTGGT AATCCTCTTG GTACCTCTGG ACCTTTTTCA TATTCTTGA ACACCTGTTT 600
 ACATAACGA TCTTCTAAAG AATGGAAAGT GATTACCGAA ATCCTGCCAT CTACTTTCAC 660
 TAATTCAATC GCTTGTTCTA TTGAATCTTC AAAAGCTGAC AATTCATCGT TTAAGTCAAT 720
 TCGTAGTGCT TGAAATACTC GTTTTGCAAG ATGTCCGCCT TTTCTTCTTG CTTTTCAGG 780
 AATACCTTCT TTTATAATGT CAACTAATTC TAATGTTGTT GTTATTGGTT GTTGTTCGCG 840
 25 ATGTGCTTCG ATTCTTCGAG CTATCTGTTT TGAAATTTT TCCTCGCCAT AGCGATAAAA 900
 AATCTTCACT AACGCTTCAT ATGACCAATT GTTAAACATT TCATATGCTG TTAGTTCTTG 960
 TGTTGGTCC ATACGCATGT CTAATGTTGC GTCATGGTGA TAACTGAATC CTCGTTCTGG 1020
 30 AATGTCGAGT TGTGGGCTTG AAACACCCAA GTCGTAATAA ATTCCATCTA CTTTTTCAAT 1080
 GTTAAAGTCT TTTAATATTT GAGTTAATTC ACGGAAGTTG CTA 1123

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 428:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 838 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 428:

TATATCTCC AaACCATAAA AATGGAATTA TAGTGAAGAC CGCTATGATC CAGGATGACC 60
 45 ACGTATTATA GAATCTTTCg ATAGAGAAAC GAATCaACGT ATCCgACATC aCGAAATGAA 120
 ATTAGAAGAT TATAAAGATG AGTTAAGAAG AGAATATCTA AAACAATCTG ACAGAATTGA 180
 AGGAGATGAA TAAGCGTGGG ACTTGATTTT ACTGGTTTAC CAGATTAGC AGTATTGGAA 240
 50 CAAATGAAGG AAAAAGAACA GATTAGTGAG GTTATTGCGC CTGAACATGT TCGTATGCAT 300

CATTTCAAAA AATTTGAAGA TGATTTTAAA AATGCGGCAC AAGGGGCTTG GGTGAAAAAT 420
 GCCACAGACG AATTAAAAGA TATTAGTAAT GATTTAGAAA AAATTCAAGA TATTAAAGTA 480
 5 TAAAAAGGTA TTAAGAAACA CAATAAGTAT ATAATCCATT TAATAATAAA TGAATTATAT 540
 AGTTCATAAT TTCGACTATA AGTGGCTATT AGCCATTATT TTTCGGGATC TATGTCAAAT 600
 CGGACTAATG AATTCAATAA TGGAAGTTAA GCAACCAATC TTTGTTTAAAC TTCTTTTTTA 660
 10 TTTTTTGGAA AATAAAGTTT TGAACATAAT AAAATTTGAT TATGTTTTAA CGAATTTTGA 720
 TGTTTCTTGA ACTATATATC ATCTAGTCGT CATTTACAAT TGGTAAATAT GACTTCAAAC 780
 15 TGKATGAAGG TGATGGCGAT TAAAGGGCTC ATCCGTAGGT TCTAAAGAAC TAGAnTTT 838

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 429:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1150 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 429:

NGTGTTCAAA TAATAGAATG GCTAATACCC CAACAATAAA TAGGAATAAA TATGTTGATG 60
 TCGTAATTTT AGTAAATAAT GAAAATCTAA AATTAGTAAC CCTATTTTGA ATATAAGCTT 120
 30 TAACCTCTAA TAATACTGGG AAGCCGATTG ATCCTAAAAT TATTAAAAAT ATAACATCG 180
 CTTGTACAAA ATAATCATGT GCATAAGGAA TTAATGACTT ACCTGTAATA TCTAATCCAC 240
 35 CATTGGTAGT GGCAGAAATA GAAACAAAAA CACCTTGCAT GATTGCATAT TTTAAATCTG 300
 GATTATCTCG ATAAAAGTAA AATGCTAATA ACATGGCTCC TACGAGTTCTG ATTACAAATA 360
 TTGATTTTAC AATATCAATA ATCAATTTGA CGGTACCACT CATTGTGTTT TTGTTATTAT 420
 40 CTAACATAAT TAAGTACGT TCTCTAATTC CAATATGTTT ACCTAGTACC ACCCATAACA 480
 TCGTACCAAT TGCCATGACG CCAATTCAC CAATATTTAA TATCACGAGG ATAATTAATT 540
 GTCCAAATGT AGAATAGGTA TCGACAATAC TTATCGGAGA CAATCCAGTA AACTAATTC 600
 45 CGGATACGGC AACAAATAAT GTGTCAATTG GATTTACTTC TACACCTGGT TTATGACAT 660
 ACGGTAAGTT TAATAATAAA AATGCAATGA CAATTGCGAC GATATAGTAC AATACAATAC 720
 50 CTTGTTGAGG GCTTGATCTT TTTAAAACT GGCTAAAAAT TGACACGTTG TTCACCTCAA 780
 CATTATTTTA GTTAAATATT AATTTCTTTC TCTTTACCAT CTCTATAAAT CTTCCGTGTA 840
 ATTGATTTCA AGTCATCTTT ATGACTAAAT ATAATCTGCC TAAAGCGTAA ATCATCTTCT 900

AAACCATTGT TGTCAACTTG ATCTACAACA ACACCGTTCT TAACTTTTCC TGGCAATTTA 1020
 ACTGCTTGTC TTTCAAAACT ATTTAGACTG ACAATATTCT TCATTTTAAC ACCTACATCG 1080
 5 GGATAGTCAA TTTTACCTTT tGTTTCTAAA TCTTTTACAA TCTTTtGTAC TTCATTaCA 1140
 GGtATTGCAA 1150

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 430:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 797 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 430:

20 AAGAATATTT AGGATTTTAT GTTTCGCAAC ACCCAGTAGA TAAAAAGTTT GTTGCCAAAC 60
 AATATTTAAC GATATTTAAA TTGAGTAACG CGCAGAATTA TAAACCTATA TTAGTACAGT 120
 TTGATAAAGT TAAACAAATT CGAACTAAAA ATGGTCAAAA TATGGCATTG GTCACATTAA 180
 25 ATGATGGCAT TGAAACTTTA GATGGTGTGA TTTTCCCTAA TCAGTTTAAA AAGTACGAAG 240
 AGTTGTTATC ACATAATGAC TTGTTTATAG TTAGCGGGAA ATTTGACCAT AGAAAGCAAC 300
 AACGTCAACT AATTATAAAT GAGATTCAGA CATTAGCCAC TTTTGAAGAA CAAAAATTAG 360
 30 CATTTGCCAA ACAAATTATA ATTAGAAATA AATCACAAAT AGATATGTTT GAAGAGATGA 420
 TTAAAGCTAC GAAAGAGAAT GCTAATGATG TTGTGTTATC CTTTTATGAT GAAACGATTA 480
 35 AACAAATGAC TACTTTAGGC TATATTAATC AAAAAGATAG TATGTTTAAT AATTTTATAC 540
 AATCCTTTAA CCCTAGTGAT ATTAGGCTTA TATACTTTy ATCAACTAAT AAATTATGAT 600
 ATAGTAAACT GATGGTTAGA TATTyTyAA CCATCAGTTT GCGTktATAT TAGTTTTTTA 660
 40 TGCTTATTAT TTTTATGAGT TTCACTTTAC ATTATTGATT AATCCATAAG AATAATTAGC 720
 ACAAAAAGCA GTATACATAA ATTGAGTAAA GAATTTTGTC GATATAACCG nCGGAAAAA 780
 TAATAACnTT TTGGATn 797

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 431:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1466 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

TTTCCAAGAG AAGTTGCGGA AGTAATTAAT AAAACGCATC ATAATAAATT GGTCATTTTCG 60
 ATGATTTTCGk CACAAATCGA TGCGGATAGA ATGGATTATT TACAACGTGA TCGGTATTTTC 120
 5 ACAGGTGTAT CATATGGTGC TTTTGATATG GAGCGTATTT TAAGATTAAT GCGACCTTCT 180
 AAAGATGAAG TACTAATCAA AGAAAGTGGT ATGCATGCAG TTGAAAACCTT TATTATGAGT 240
 CGTTATCAAA TGTATTGGCA AATTACTTTC CACCCAGTTA GTCGTGGTGG AGAAGTGCTG 300
 10 CTTAATAATT GtTTGAAACG CGCAAAACAG CTTTATAATG AAGGCTATGA ATTTAAGTTG 360
 CATCCACATG ATTTTATTCC ATTTTTTGAA GAGACAGTTA CGATTGAACA ATATGTTGAA 420
 CTCGATGAAG CGGTAGTTAC GTATTATTTG GAAAAATGGA CAAAAGAAGA TGATGCTATT 480
 15 TTAAGTGATT TAGCAAGTCG ATTTATTAAT CGAGACTTAT TTAAATATAT TCCATTTGAT 540
 GGCTCAATTA TTACAATATC AGAACTGCAA GAACTGTTG AAGCAGGTGG TATTAATCCA 600
 20 GATTATTATT TTGTGAGTGA AGCATTCTTCT GATTTGCCAT ATGACTATGA TCGACCGGGG 660
 TCAAATCGCA AACCGATTCA TTTATTAAGA CAAGATGGTA CGATTAGAGA AATAAGCAAT 720
 CAATCATTAG TCATTCATAG TATTACAGGC ATTAATCGCC AAGACTATAA ATTATATTAT 780
 25 CCTAGAGAAA TGTTGCAAA GATTAAAGAT AAGACAATTA GAGAAGCTAT TGAAAATTTG 840
 ATTAATGAGC TTAATTAAAC AGGGCTAAAA TTGTTATCGT TAAATATGGA GGTTATATCA 900
 TTGTCTGAGA AAAAAGGCTT TAATTTTAAT ATCATAAAAA ATGACCCTCT AGATGGTCAT 960
 30 AAAGGTACAA ATATTGGTTC AATTAGCTTA GACAATATTG CACCAGTTTT TATCGATGTT 1020
 GCTAACAAAG AAGCATTTAT TGATATTGGA GGCATGCATG CTCGTGCCAA AGTTGAAAAA 1080
 35 GGTGTGAAAT GGATTACTGA TAAAGCTGCT GTTGAAGGCG ATGAAGCTAA AGaATATTGG 1140
 TTGTGTTGGG TAACAACAGA ACGTAATGAA CAAGGACCAT ATTACGCTGG TTTAACAGCG 1200
 TGCTATTTAT TAGTGAATAA AGCAATTCGT CGTGTTATA AAAGTATGCC TGAACATGTT 1260
 40 AATATGATGG ATAAATCAAT GAAACATCAT ATTATCATAG ATCAAATTGG TGACGAGAAT 1320
 AAAGCTATTT TAAAAGACTT TTTAATGAAC CATGATGAAG GTATGTGGAA GCATTCTTCT 1380
 GATGCTTTAC ATCAAGCATT TAATTAAATA TTAGAACTA AAATTTCCCA ATTAATCTAT 1440
 45 AAAGATATGA TTCATTTCTC AATGAC 1466

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 432:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2304 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 432:

	TTGTACGAAT ACAAAGTTGC ATTAATATAG AATCATTTAT GCTTTTTTAAT ATCACAAAAC	60
5	AAATTGATTA AACTAGCTAA AATAGTCAAA ATTGGAATCA AGATTACATA AATATCATAA	120
	CCTCTAGATA TTAGTATACA TAATATAATT AGCGACCCTA TTATAATTGC TAAATTATAA	180
	GCCAAACTAA TTTTATATTT CATTTCAATT CCCACCTTAA TAGCATTAT TAAAATTCTA	240
10	TAATGTTTAC ATAGACTTCT TAACAAACTT TAACCCAGCT AAGCTAAGTA TTGAAATAAT	300
	TACACCTCCT AATATAAATA TATTACTTAA GCTTAGTAAA GGTATAATTA TACTTATCAG	360
15	TCCTAAAGAC AATGTATCCG CTGcATAATT CGaTGtAGAT GAGATACTAA ATACTTTCCC	420
	CATCAAATGA TTTGGCGTTT TTATTTGAAT GGCAACTGAT CTTGTTAGTC CCTCTATAGA	480
	TTGTCCAAGT CCCAATAATG TTGCACCTAT ATATAATATC GCCACACTTG GAAACACATT	540
	AATAATCGAT AAGCCAATTC CCCAACTAA AACACCAATA CTAAATTTAA AGATTAATCG	600
	TTTTTCTGAC AGCAAACCCA TAATCAATGA CATTAAATAA GATGCTATAC CTAAACATGA	660
	GTAGCTAGT CCATATACAC CAACGCCCTC TTTTAATATA TTGGAAATAA ACAATGGTAA	720
	FACAACACGC CAAAGGCCAG TATTAATCAA TATGCAGGCA AATTGGATGA TTATAATAAA	780
	FGGAATTTCT TTAGATTGTT TCAAGAATTC CCAAGTTTCA GAAAAATCTT CTTTTGAGTG	840
	ICTATCAATC ATGTTGTTAT TTGTATATTT TAAAAGTGCA TTAAAAATAA ATCCTAAAAA	900
	FAGCAATATA CTACAAATAA AAAAGACGCC AACATTACCA ACTAGTATTA CAATGACACC	960
	AATTAAAGCA GGTAATAATA TATTTGAGCC TCTTTGCAA CTATCGATTA ACGCATTACT	1020
	IGTTGCTAAA TGCTCCTCAT CAATAATTC AGGAAGAATT GCCCTAAACG CAGGATCCGT	1080
	ATAGCAGTTA ATAATGGTGA TAGCTGTAGA TATGGTTAGA AGCGTCAGAT AATTTAAATT	1140
	IGATGTTATT GCAAGTAAAG GAATAATTAT TATAATCAA CTTAGTATAA GATCAGATAG	1200
	ATAAAGTATT TTCTTTTAT TATGTTTATC AGAATATGCG CCACCGAAAA TACCAAATAT	1260
	AATAAATGGA AGTGTTTGAC TCATAACCAT CATTGATAAT TTAAAGATG ATTGGTTTGT	1320
	CAATTCAACA GTAAACCAA TTATTTGTAA CGAAAACAGC ACAAACAAC TCCGACGTAA	1380
	GAATTACCA ATCAATAAAT ATGTAAAGTT TCTATTTTTC AAAACTTCTA AATACAACAT	1440
	ATTTATCACC TCTCATAAAA ATAATTGAAT GCATCCACCA GCTTTTTTAG ACCTTCTTCT	1500
	AACTCTCTT TATCCAAAGC GCAATTAATT CTAATATAAT TTAGTCAGTT AAATATCAAT	1560
	TATTTGAAA TATACATACT ACTTGAAACA CCATACATAA CCCCCAAAT GACTACTCAG	1620
	AGGTTATATT CTACTAATTA TGATTATATT AAATATGAAA ATATTATCAA AAAAATCAAA	1680

TCATTCTCAT CATATTCTAG GTTGTTTTTT ACAAATAA TATAGTGAAT GCAAATCAAC 1800
 TATTATTAA ATTATGAATT ATTTAATTC TTCTTCTAC GAGCCAATAA CATTAATCCA 1860
 5 GCAATTCCAA TTATACTACT AAAGATCAAA CCTTTTTCG TGCTTTCTAA ACCTGTTTTT 1920
 GGTAATTCTG CTCGTTTTTT CTCTTGATTA GCTACTGATT CTTTAGCAAT TTTAGATTTT 1980
 TTAACTTTAT CATTTTTATC CATTGAATGA ACTGGGCCAT TGGGTTTTGC TCTGTCTTTC 2040
 10 GATAATCCTG GATTGTTAGG ATTTACTGGG CCACTTGGAT GAGTTGGTCT GCTCGGCTTC 2100
 TCTGGGTTTT CAGGTCCTTT TGGATCTTTT GGTTCCTCTC CACCGAACTC TACAATCTTA 2160
 TCTACTGGTT GTTTtGTGAT CTCTTCTGTT GGTGACCCT CGCCAACCTT TTCACCTGTT 2220
 15 AATGGGkTCA CTGTGAwTGG TGkTGTGAwT GTCyACTTC CTGGkTGTC TCTTGTTTC 2280
 ACTCGCTCTT CACCAGGTTG TAAT 2304

20 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 433:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 4733 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 25 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

30 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 433:

GTCTTAATAT TTTACAAGAT ACAGCCTGAC AATATTTATA TTACAAACCA ATATGGTAA 60
 GAGGCTGTGT CTCGATTAAA AAGAATTTTA GAGCAAAGTA TACCTAATAA AGAATATATT 120
 35 GATTTATCAG AGATATCATT AATTACATTT TTTAAACCAG AATATAATAA ACAACATGTG 180
 AATGAGGAGT TTAATTCTTT ATCTTCTTCG AAAATAAAGA ATTTAGCCAA AGAAAATGAT 240
 GGTATTATTA TTTATTTAAA TTTAAGGAT GTTAATTATC AACTGaTAaG TGAAGGCAAT 300
 40 ACTTTTTTTT CTGCAAAACC ATATTGTCAT TGTGTGTTCA ATAAAGATAT TTTAAATATG 360
 GATAAAGTTG ATATAGAAAA TTTTTCAAA AGTATAGAAG TCAAATACAG TAAATAAGAT 420
 CAATTATTGA ATCCACCGAC CAGCAGATTT TTTAAAAAA TTAATACCCC GTTAATACCC 480
 45 TTTGCTTCAA TTTGATGAAA ATCAATGAAA TTCAAATTG AAGAAATCCT TTAATATCAA 540
 GGTGTACGAC AGTCTATATA ATCATGCGAA ATTCTAAAAT TTTcTGAcGT AAAAAACAA 600
 ATTCyTAAAG CAGCTCGTCG TTCACCTCAA TTCTCAAAAC GTTAATTGTC GGACGATATA 660
 50 TATACAAAC ACCTCGATGT TATGTCGAGG TGTTTTTTTG CGTTTGTTG GGAATATGG 720
 AATAGAGTAT AAATGAATTA ATGTCTCAGG TATAGAATTA ATTCAACTAT GAATTATTGA 780

55

	TTAGCTTGCG GAGACCGTAC GATAGTGTTT TAATAATAGA TATTCAAGGG AAAGAGCTAT	900
	CGGATGATAA CCAGATGATA ACTCAAGAAC CATGTTTTAA GAGTGTTATC AAAATAAGGA	960
5	GTGACTTAAT TGAAAGATTC TATATTTTGG AAGAAAGCTT TTATTyCTGT TTATTTTATT	1020
	GTTGsGATGC TGGTGTTTCT ACTTTTTTAGG TTTTATATTA AaACAGATAA CTTTTCTATA	1080
	TATTTAATGA GTATCTTCTT AATTTGTTTA GGAAGTCTT CTATCATTTA TAACTATAAA	1140
10	ACCAATCGAT AAATATAAGT ATGAAATGTA TAAGTCACAG TTAGATCTAA GTCTTGCTGT	1200
	GGCTTTTTAT ATCTCCATAA AACGACAAAT TCAAGCCC GA CATAAAACAG CATTTTCAGC	1260
15	CCACCATAAA ACGACAATTT CAGCCCGCCA TTGACTAAAC ACCACATCCC AAAAATATCG	1320
	TAACAATCCT CTACATCAAT CAATCCAACA TCCCTCATAA TCACAACGCA CAAAATCTAT	1380
	TCATGCATTT TTGGAATACT TAGTATTACA AATAACGATT TTTATTTCATC TAACAAAGGT	1440
20	TATATAATGT ACTGAAGGCA ATTTTTATGT ATTACAAATC TAATCGTACA TGTAATAATTT	1500
	TGATAAACAT CATTAAATTTT GCGTAACTAT CATTAGATTA CAAATCACAA AGTAATTACA	1560
	TGTAATACAC ATCTATACAT CACATTTGAA GGGAAATGaA TATAAATGAC TGATAAAAAG	1620
25	TACACTGCAG CCGATATGGT TATTGATACT TTGAAAAATA ATGGGGTAGA ATATGTTTTT	1680
	GGTATTCCGG GTGCAAAGAT TGAATATCTA TTTAATGCTT TAATTGATGA TGGTCTGAA	1740
	CTTATTGTCA CTCGTCATGA ACAAACGCC GCAATGATGG CGCAAGGTAT TGGAAAGATTA	1800
30	ACAGGCAAAC CGGGTGTAGT ACTTGTTACA AGTGGTCTTG GTGTAAGTAA TTTAACTACT	1860
	GGATTATTAA CCGCAACATC TGAAGGGGAT CCTGTATTAG CGTTAGGTGG CCAAGTGAAa	1920
35	CGnAnATGAT TTATTACGAT TAACGCATCA AAGTATTGAT AATGCTGCGC TATTAAATA	1980
	TTCATCAAAA TATAGTGAAG AAGTACAAGA TCCTGAATCA TTATCAGAAG TTATGACAAA	2040
	TGCAATTGCA ATTGCTACTT CAGGAAAAAA TGGCGCAAGT TTTATTAGTA TTCCGCAAGA	2100
40	CGTTATTTCT TCACCAGTTG AATCTAAAGC TATATCACTT TGCCAAAAAA CAAATTTAGG	2160
	AGTACCGAGT GAACAAGATA TTAATGATGT CATTGAAGCG ATTAATAATG CATCATTTCC	2220
	TGTTTTATTA GCTGGTATGA GAAGTTCAAG TGCAGAAGAA ACAAATGCCA TTCGCAAATT	2280
45	AGTTGAGCGC ACGAATTTAC CAGTTGTAGA AACATTCCAA GGTGCAGGTG TAATTAGTCG	2340
	TGAATTAGAA AATCATTTCT TCGGTCGTGT GGGCTTATTC CGCAATCAAG TTGGTGATGA	2400
50	ATTATTACGT AAAAGTGATT TAGTTGTTAC AATCGGTTAT GATCCAATTG AATACGAAGC	2460
	TAGTAACTGG AATAAAGAAT TAGAAACACA AATTATCAAT ATTGACGAGT TCAAGCTGAA	2520
55	ATTACTAATT ATATGCAACC GAAAAAGAG TTGATTGGTA ATATTGCTAA AACGATTGAA	2580

	CAATTAAGAA CACATATTGA TGAAGAAACT GGTATTAAAG CGACGCATGA AGAAGGAATT	2700
	CTACATCCAG TGGAAATTAT TGAATCTATG CAAAAGGTAT TAACTGATGA TACTACTGTA	2760
5	ACAGTTGATG TTGGAAGTCA CTATATTTGG ATGGCACGTA ATTTCAGAAG TTACAATCCA	2820
	AGACATTTAT TATTTAGCAA TGGTATGCAA ACGCTTGGTG TAGCATTACC GTGGGCAATT	2880
	TCAGCTGCAC TTGTGCGCCC TAATACGCAA GTTGTGTCCG TTGCTGGCGA TGGTGGCTTT	2940
10	TTATTTTCAT CACAAGATTT AGAAACGGCC GTACGTAAAA ATTTAAATAT CATCCAGCTT	3000
	ATTTGGAATG ATGGAAAATA TAACATGGTT GAATTCCAAG AAGAAATGAA ATATAAACGT	3060
15	TCGTCAGGTG TAGACTTCGG TCCTGTAGAT TTTGTAAAT ATGCAGAATC ATTTGGCGCG	3120
	AAAGGTTTAC GAGTTACTAA TCAAGAAGAA TTAGAAGCGG CAATTAAAGA GGGCTATGAA	3180
	ACAGATGGTC CAGTATTAAT TGATATACCT GTAAATTACA AAGATAATAT CAAACTTTCA	3240
20	ACAAATATGT TACCTGACGT ATTTAACTAA AATAAAGATA AATGTTAAAG AGGAGTGGGA	3300
	GATTTTATGA CTAATGTTTT ATACCAACAT GGTACATTAG GCACATTAAT GGCAGGATTA	3360
	TTAAAAGGAA CTGCATCAAT AAATGAATTA TTGCAACATG GTGACTTAGG TATCGCTACA	3420
25	CTAACAGGTT CAAACGGTGA GGTAATCTTT TTAGATGGAA AAGCTTACCA TGCAAATGAA	3480
	CATAAAGAAT TTGTAGAATT AAAAGGTGAC GAGTTAACAC CATATGCAAC TGTAATAAA	3540
	TTTGTAGCAG ATACAAGCTA TGAAACGAAA GATAAATCTT CAGAAGCAGT TTTTGCAGAA	3600
30	ATTAAGGAAA AGATGTTGAG TGAAAATTTA TTTTCAGCAG TAAAAATTC AGGCTTATTT	3660
	AAAAAATGC ATGTACGTAT GATGCCGGCT CAAGAACCAC CTTATACACG TTTAATCGAT	3720
35	TCAGCTAGAA GACAACCTGA ACAAAGTGA ACGTATGTCA AAGGTTCACT CGTTGGTTTC	3780
	TTTACACCAG AATTATTCCA TGGTATCGGA TCAGCAGGAT TTCATGTACA CTTTGCGAAT	3840
	GATGATCGTA ACTTTGGTGG ACATGTCTTA GATTTTGAAG TAGAAGATGT TAAAGTAGAA	3900
40	ATCCAAAATA TAGAAACATT TGAACAGCAT TTTCCAATTC AAGATAAAGA TTTCACTAAA	3960
	GCAAATATTG ACTATAAAGA TATTGCAGAC GAAATTAGAG AAGCTGAATA ATGAATCCAG	4020
	AAATATAATG ACGGTTTATG AAAATTGACT TCATAATGCG CGATTTAGAA ATGATAGTTT	4080
45	GTAAATATGA TTAACCATGA CTACAATAGA ACAAATATAT TTATAATTAC GTCTAAGTAA	4140
	TAAAATAAAT CCCTTCACTA TTAGCAGTAG TGAGGGGATT TATTAGGTTT CAGATATTTG	4200
50	AGATTTGCTG TTATGTTTAG ATTATAAATT GTGGTACACA CTCATATAAA ATTTACTATT	4260
	GTATAGGCCA ATCTGTTACT ACGAGAAGCA AACAACAATA ATTTACAAGT TCAATAACTA	4320
	AAAAGACAAA CGCCAATTTT TCAGCGCTTG CCCTATAAAA CTATTTTCAA ATTATTATTT	4380

55

TTTCTTTAGA TTCACTACTT TTTTATTACC ATCATTCAAA GTAAGCGTAT AAGTTGCTGT 4500
 TTGGGCATTA TTAATTTTTT CTGTTGTAAC ACCACGTTGA GAAGCTAATT CATTTTTTTAC 4560
 5 TTTACTGTCA ATTTCTTGAT AAAGAACATT TTTATTTTCT GGGAAGATAA AGTAAGTTCTG 4620
 ATGTAATGCA GTAATACCAT CTAAGTAAAT TGTGTAAGGA ACAGTGTGAT AACCATCCAC 4680
 AGTCATTCTT TTATAGCCGT TATTACTATC TGCAGATGCT TCGTGACTCG GTA 4733
 10

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 434:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1284 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear
 15

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 434:

AATAAATGGT AATTTTATAT CATCAACGGC TACAAATGGG GCAGTTTCAT ATATAAATAA 60
 ACACATCTAC TCAACTGnTC TTAATTAATT AATAAATGAT TTACCAGATG ACATATAACA 120
 25 GCCATTATTA GnTTAATTCT AATAGTTTAT TTAAATTTTC TTCGGTTGTC GCCCAACTGG 180
 TTGCGAATCT AACAACACGA TGTTGATCAT CGTATTTTTC CCAAACAGCA AATTTAACTT 240
 TTTGTTCTAA CTCTGCTATT TTCTCGTTAC TTAAAATAAA AAATGTTGA TTGGTTGGAG 300
 30 AATCAAAGTA AAGACGATAG CCTTTATTTT TAAACCCGTC TTTCATCTTA TTTGCCATTT 360
 CGATAGCATG TCTGCTTATA TTAAAATATA AATTGTCCGT AAATAATTCT AAAAATTGTA 420
 35 TGCCTGTAA CCGTCCTTTT GCTAAAAGGG CACCGTGGAT GCTTGATTCT AGTGGTAAAT 480
 TGTTCGGTT CATTATTTTT CGTAAAAACA ATGGCTTCCC CGCATAATGC ACCTATCTKc 540
 GTACCACCTA TATAAATAC ATCACAATAT TTAGCGrTgt CTTTAATAGT CATATCTGAT 600
 40 TGGTCACTCA TCAATCCATA CCCTAATCGT GCACCATCCA TAAATAATGG AAGCTGATAT 660
 TGCTTACATA CTTTGATATA CTCTTCCAAT TCTGaTTTAG AGTATAATGT GCCATATTCT 720
 GTAGGATGAG AAATATATAC CATTCCTGGG AATACCATAT GGTCCCTTTT AAAATCACTT 780
 45 TTAAATGTCT CCATGTAAGT TTCAACATCT GAAGCACTAA CTTTTCCTTC CTTAGAGGGT 840
 ATAGTAATTA CTTTATGTCC ACTATATTCA ATTGCACCGC CCTCATGCAC AGCAACATGA 900
 50 CCAGTGTCTG CTGAAATGAC CCCTTCGTAA CTTTCTAACA TTGAATTAAT AACAACCTGA 960
 TTGGTTTGTG TTCCACCTaC TAAAAAACGA ATTGTAGCAT TTGGaCAGTC AATTGTATCT 1020
 TTAATCTTTT CAATTGCCTG AGCTGTGAAT TGaTCAAAGC CATATCCCGA AGCTTGTACA 1080
 55

TCGAATGAAA TCACTACATT TCCCCCTAAA ACTAATATCA ACATTTTAAT AAGATAAACC 1200
 AATTTCAAAA CTAGTTCGAT ATTTAAATG TATTATGGAT GGnTAAAGTT TGTATCGCAT 1260
 5 TATCGCGAAG TTGnATAAAT ATAT 1284

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 435:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1072 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 435:

ACAGCTTTTG GTAArGGAGA AAwTCAaTat GAAACAGTAT AArGCGTATT TaATCGATTT 60
 20 AGATGGCACA ATGTATATGG GAACAGATGA GATTGATGGA GCAAnACAAT TCATCGATTA 120
 TTAAATGTA AAAGGCATTC CTCATTTATA CGTAACTAAT AATTCAACAA AAACACCTGA 180
 GCAAGTAACT GAAAAATTAC GTGAAATGCA CATTGATGCT AAACCAGAAG AGGTTGTAAC 240
 25 GTCAGCGTTA GCCACTGCTG ATTATATTTT AGAACAAATCA CCAGGAGCAT CAGTATATAT 300
 GTTAGGTGGG AGTGGTTTAA ATACTGCGTT AACC GAAGCG GGACTTGTC TAAAAATGA 360
 CGAGCATGTT GATTATGTAG TTATTGGACT TGACGAACAA GTTACATATG AAAAGCTTGC 420
 30 GATTGCAACG TTAGGTGTAA GAAATGGtGC AACATTTATT TCTACAAATC CTGATGTATC 480
 AATTCCTAAA GAGCGTGGTT TATTACCTGG TAATGGTGCT ATTACAAGTG TTGTAAGTGT 540
 35 ATCGACAGGT GTATCGCCAC AATTTATTGG TAAACCAGAA CCGATTATTA TGGTTAAAGC 600
 ATTAGAAATT TTAGGATTAG ATAAATCCGA AGTTGCTATG GTAGGCGATT TGTACGATAC 660
 CGATATTATG TCTGGTATTA ACGTAGGTAT GGATACGATT CATGTACAAA CAGGTGTATC 720
 40 TACGTTAGAA GATGTGCAAA ATAAAAATGT GCCACCAACG TATTCTTTTA AAGATTTAAA 780
 TGAAGCAATA GCTGAATTAG AAAAATAGAT ATAGTCATTT TATAAAGTAG GTGAATTGAT 840
 TTGGTAAAAA TAGTTGTTTC GAGGAAAATT CCAGATAAAT TTTATCAACA ATTAAGTAAA 900
 45 CTTGGTGACG TTGTTATGTG GCAAAAATCA TTAGTGCCTA TGCCTAAAGA TCAATTTGTG 960
 ACaGCcTTcG TGACGCAGAT GCTTGTTTTA TTACATTAAG TGAACAGATC GATGCAGAAA 1020
 50 TTTTAGCGCA ATCACCAAAT TAAAAgTAA TTGCGAATAT GGCTGTAGGA TA 1072

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 436:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3271 base pairs

(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 436:

	TAAAACTTA CTTAACACC ATTCTTTTT AACTTTTTTC GTGTTTCnTT TnCTTAAGTC	60
10	CATCCATATT TTTAATGATG TCATCTGCTG TTTTATCTTT TAAATCTAAC ACTGaGTGAT	120
	AmCGAATTG TAGCACAGGA TCAAATCCTT TATGGAATCC AGTATGTTCA AATCCTAAGT	180
	TACTCATTTT ATCAAAGAAC CAATCATTAC CAGCATTACC TGTAATCTCG CCATCATGAT	240
15	TCAAGTATTG ATATGGTAAA TATGGATCGA TATGTAGGTA TAGACAACGA TGTTTTTTAA	300
	CATATTTTGA TAATTCATTA AAGAAAAAGT GTACGAGTTC TTGATTTTCA TAATCAATCA	360
	CTGGACCGCG ATTTGAATAA AAATACTTGA ACACCTTCAT AACAGGTACA GCAGTAAGtA	420
20	AGCAAGCTGC AATGACCTCG TTATTATTGT TTTTATTCC CACTAAATGT GTTTCATAAC	480
	CTTCAGCAAG CTTTAACTCA TAGTGGCCAA CAGTTTGCCT GaAATGACTG TATGGCATGC	540
25	TATCTGTAAa GGCACCAAAC TCTTTAGCTG TTAAATTTGT AAACCTTCATT ATCATTACTC	600
	CTATTTGTCT CTCGTTAATT AATTCATTT CCGTATTTGc AGTTTTTCTA TTCCCTCT	660
	GCAAATGgCA AAAATAATAA ATCTAATCTA AATAAGTATA CAATAGTTAA TGTTAAAACT	720
30	AAAACATAAA CGCTTTAATT GCGTATACTT TTATAGTAAT ATTTAGATTT TTGAATACAA	780
	TTTCAAAAAA AGTAATATGA ACGTTTGGGT TTGCTCATAT TACTTTTTTT GAAATTGTAT	840
	TCAATTTTAT AATTCACCGT TTTTCACTTT TTCAAACAGT ATTCGCCTAA TTTTTTTAAA	900
35	TCAAGTAAAC TTAATTATTC AATGTTTGTT GGATAGATTG TAAATATTTA ATGATTTCTT	960
	CACGCGTGTT AGATTTAAAT CGCTTAACGA TTTGCTACC AATGACAATG CCATCTGCAA	1020
40	CCTCTTTTAT ATCTGCAACA TGTTGTGGTG TTCTTATACC AAATCCTGCG ACAACTGGCA	1080
	CATTGGCTAT CGCTTTAATT GACTCAATTT TTCGTTTTAA TTCTGGATGA AACGCACCGT	1140
	TTTGCCCTGT TGTCGCATTC ATCGTCACAG TATAAATAAA GCCTTCCGCA TGGGATACGA	1200
45	TATCTTTTAT ACGTTTGTCA TCAGTAGTCA TCGCAACTAA CGATATGATT TTGACGCCAT	1260
	AGTGACTAAA TTGTTGTTTT AAACGCTGCG ATAATTCATA TGGTAAATCA GGAATAATTA	1320
	AGCCGTAGAC ACCAGTATCT CGACATTTTT CAAAAACGC TTGTTCTCCA TAATGACAAA	1380
50	TAATATTATA ATACGTCATT AATACATAGT TACACTTAAT TTGATCACCA TGTTTTTCTA	1440
	ATTGATTGAA AATATAATCT ATCGTGATGC CTTGTTTAAT CGCTTGTTGA CCTGCTTCCA	1500
55	TGATAACTGG ACCATCAGCA ACCGGATCAG AGAAAGGTAC TCCAATTTCA ATTATATCTG	1560

	GTATAAATAA TTTAGTCATT TGCAAGACCT CGCTCTACCA TATATTGTCT AATTGTTTCC	1680
	ATATCTTTTAT CGCCACGTCC AGAAATAGTT ACTACAATAA TATCTTCTTT CGACATCGTA	1740
5	GGCGCTAGTC TTTCAACATA ACTCAGTGCA TGTGCACTTT CAATTGCAGG TATAATACCT	1800
	TCATGTTTTG TAAAGTTGAT TAAAGCATTG ATTGCTTGTG TATCACTAGC ATTTTCAAAA	1860
	GTTACTCTAC CAATGTCGTG GTAATAAGAA TGTTCGTGGT CAATACCAGG ATAATCAAGT	1920
10	CCTGCTGAAA TAGAATGTGC TAGTTGCACT TGCCCATCTT CATCTTGAAT TAAATACATT	1980
	TTAGTACCAT GTAATACGCC AGGTGATCCT TTGCCAATTG CAAGTGCATG TTTATCAGTA	2040
15	TCATCGCCTT GACCTGCGGC TTCAACACCG TATAATGCAA CATCATCTTT AATAAATGGA	2100
	TAAAATGTAC CGATTGCATT TGAGCCACCA CCGATACATG CTACAATTGC ATCCGGAAGT	2160
	CGACCTTCTT TCITCAATAT CTGTGATTTT ATTTCTTTAC CAATCACACT CTGAAAATCT	2220
20	CTAACAATCG TTGGGAACGG GTCTGGACCT AATGCAGAAC CTAATAAATA ATGTGTATCA	2280
	TCTACATGAC TTACCCAATA TTGCAATGCT TTATTAACTG CATCCGATAA AGTCCCTTGA	2340
	CCATCTTCAA CTGCCACAAC CTTTGCACCA AGTAATTCCA TTCTAAATAC ATTAAGTTGT	2400
25	TGTCTTTTAA TATCTTCACT TCCCATAAAG ACAACAAGTT CCATATCAAA TAATGCAGCA	2460
	ACCGTAGCAC TAGCTACACC ATGTTGACCC GCACCAGTTT CAGCAACAAG CTTCTTCTTG	2520
	CCCATTCTTT TAGCAAGCAA CGCTTGACCT AACGCATTAT TAATTTTATG GGCGCTGTGA	2580
30	TGATTTAGAT CCTCTCGTTT CAAATATATT TTAGCGCCAC CTAGGCTTTC AGTATATGAT	2640
	GCAGCATATG TAAGTGGTGT CGCGCGTCCT ACATACTCTG ATAAATAGTA TTCCAGTTCT	2700
35	CTTTGAAACT CTGGGTCTGC TTTTGCCTCT TTATAAGCTT TTTTCAACTC AATAATTGCT	2760
	GGCATTAAATG TTTCTGGAAC ATATTGCCCT CCATATTAC CAAAGAAACC TAATTCATCT	2820
	GCTTCTGTTT GTATTTGTTT ATTCATTGTC TCTATCTCCT TTCACAATAT TTACAATTGC	2880
40	TGTCATTTTT TCTATATCTT TTCGCCCATT TACTTCTATA CCTGATGCAA GATCATAACC	2940
	TTGATGTGAT AATTAAAGTT GATTAAGTGT TTGAATATTT TCAGAGTTAA TGCCTCCTGC	3000
	TATCAAATAA GGTATGTCTT TTATGTGCTT CAAAATAGTC CAGTCATATG TTTGACCGGT	3060
45	ACCACCATAC GACACTGAGG GTGTGTCGAT AATAAATAAA TCTACGAACC CTTTATATTT	3120
	ATTTATGTTT TGGATTATGT TTTCATCTNG CAGtAAAGCT TTAGTGATTT TAATGCTTGA	3180
	ATAKtCTTT TTAATTTCTT GTAtAAAAAtC AATAGATTCT GtGTAACTGT ATTGTGkTAA	3240
50	wTGaCGwATg CtTAAwACgT GTGCCAATGG T	3271

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 437:

55

(A) LENGTH: 1553 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 437:

10	ATAATGAAAT AATACTGTGT TTTATCTGCG AAATGTATCA TTTTCTAATc GTTTCACAGT	60
	AAAATGAAAA GATAAAGTGT GTTTTTACTT GAATTTTGAC TAAAATTACT CTATATTTAT	120
	TAATTGAGCT ATGCTTATTA TTACAATTG ATTACAAAT TTAATTTGT TAATTGAATG	180
15	ATAATATTAA ATAAAGAAAC TTACACAAGC AAATATGAGT TGTAGCCCAA AATACTTGTT	240
	AAATCAAAGT TGAAAGCTAC AAATAATGAA AATTATAAAC TTGAATCTGA AAGTAATTAC	300
	TATAATTATG ACAATGTTAA CTTTTAAACG CACTTATTAA TTAACACAT AATGTTAATA	360
20	TCTAATTTAT TCAAGTACTT TCGCAAGATT TATTATCTAA ATAACGGGGG AAAGAATCAT	420
	GAGTtCACAA AAAAgAAAAT TAGTCTTTTT GCGTCTTCT TATTAACCGT AATAACGATT	480
25	ACCTTGAAGA CGTATTTTTT TTATTATGTT GATTTTTCTT TAGGTGTTAA AGGTTTAGTA	540
	CAAACTTAA TATTATTGAT GAATCCTTAT AGTTTAGTAG CACTGGTTTT AAGTGTGTTT	600
	CTATTCTTTA AAGGCAAAAA AGCATTTTGG TTCATGTTCA TAGGCGGCTT CTTATTGACG	660
30	TTCCTATTAT ATGCCAATGT TGTGTACTTT AGATTCTTCT CTGATTTTTT AACGTTTAGT	720
	ACTTTAAACC AAGTAGGTAA CGTAGAATCT ATGGGTGGTG CGGTTAGTGC ATCATTCAAA	780
	TGGTATGACT TTGTTTATTT CATTGATACG TTAGTTTACT TATTCATTTT AATATTTAA	840
35	ACAAAATGGT TAGACACAAA AGCATTTAGT AAGAAATTTG TTCCTGTCGT AATGGCGGCT	900
	TCAGTAGCAT TATTCTTCTT AAACCTAGCT TTTGCTGAAA CTGACAGACC AGAATTATTA	960
	ACACGTACAT TTGACCATAA ATATTTAGTG AAATATTTAG GACCTTATAA CTTTACAGTA	1020
40	TACGaTGGTG TTAAACTAT CGAAAATAAT CAACAAAAAg CGCTAgCATC TGAAGATGAC	1080
	TTAACaAAAG TATTAAAtTA TACGAAAcAA CGTCaAACmG AGCCTAACCC rGAwTATTAT	1140
45	GGGGTGGcAA rGAAGAAAA TATTATTArG ATTCATTTAG AAAGTTTCCA AACCTTCTTA	1200
	ATTAATAAAA AGGTTAATGG TAAAGAAGTA ACACCGTTTT TAAACAAATT ATCAAGTGGG	1260
	AAAGAGCAAT TCACATACTT CCCTAACTTT TtCCATCAAA CAGGTCAAGG TAAACATCT	1320
50	GACTCTGAAT TTACAATGGA TAACAGTTTA TACGGTTTAC CGCAAGgTTC TGCCTTTTCA	1380
	TtaaaaGGAG ATAATACGTA TCAGTCATTA CCAGCAATTT TAGATCAAAA GCAAGGCTAC	1440
55	AAATCTGATG TCATGCACGG TGAATAAAA ACATTCTGGA ACAGAGACCA AGTATATAAA	1500

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 438:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1419 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 438:

10

ACAAAATCAA TCAGCAAAAT GATTGGATTA AGACGCAAAT TGAGCGTTCA ATGGAAGGCG	60
AAACAGTTGG CATTAAATGAT CAAAATATAG AAATATATAG TGAACGtTgA GATTTATACC	120
ATACACTCGT ACCTTTAAAT CAAGAATTGC ATAAGTTGCG ACTTAAACT CAAAACCTAA	180
CCAATGAAAA TTATAATATT AATGATGTGA AAGTTAAAAA GATTATTGAA GATGAACGTC	240
AAAGACTAGC ACGAGAACTT CACGATTCTG TTAGTCAGCA ACTTTTGTGCG GCMAGTATGA	300
TGCTATCTGC TATCAAAGAA ACGAaTAGA ACCACCATTA GACCAACAAA TTCCTATTTT	360
AGAGAAAATG GTTCAAGATT CGCAGTTAGA AATGCGTGCT TTGCTGTTAC ATTTAAGACC	420
GCTTGGTTTA AAAGACAAAT CTTTAGGTGA GGGTATTAAA GATTTAGTTA TTGATTTACA	480
AAAAAAAGTG CCAATGAAAG TTGTGCATGA AATACAAGAT TTAAAGTGC CTAAAGGTAT	540
TGAAGATCAT TTGTTTCAGAA TTACACAGGA AGCAATTTTCG AATACATTGC GTCATTCAAA	600
CGGTACAAAA GTGACAGTAG AATTGTTTAA TAAAGACGAT TATTTATTGT TGAGAATTCA	660
AGATAATGGT AAAGGTTTTA ATGTTGATGA AAAATTAGAA CAAAGTTATG GACTTAAAAA	720
TATGCGTGAA AGAGCTTTGG AAATTGGTGC AACGTTCCAT ATTGTATCAT TGCCAGATTC	780
AGGTACACGT ATCGAGGTGA AAGCACCTTT AAATAAGGAG GATTCGTATG ACGATTAAAG	840
TATTGTTTGT GGATGATCAT GAAATGGTAC GTATAGGAAT TTCAAGTTAT CTATCAACGC	900
AAAGTGATAT TGAAGTAGTT GGTGAAGGCG CTTCTGGTAA AGAAGCAATT GCCAAAGCCC	960
ATGAGTTGAA GCCAGATTTA ATTTTAATGG ATTTACTTAT GGATGACATG GATGGTGTAG	1020
AAGCGACGAC TCAGATTAAA AAAGATTTAC CGCAAATTAA AGTATTAAATG TTAAGTAGTT	1080
CTATTGAAGA TAAAGAGGTA TATCGTGCAT TAGATGCAGG TGTCGATAGT TACATTTTAA	1140
AAACAACAAG TGCAAAAGAT ATCGCCGATG CAGTTCGTAA AaCTTCTAGA GGAGAATCTG	1200
TTTTTGAACC GGAAGTTTTA GTGAAAATGC GTAACCGTAT GAAAAAGCGC GCAGAGTTAT	1260
ATGAAATGCT TACAGAACGA GAAATGGAAA TATTATTATT GATTGCGAAA GGTACTCTAA	1320
ATCAAGAAAT TGCTAGTGCA TCGCATATTA CTATTAAAC GGTAAAGACA CATGTGAGTA	1380

55

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 439:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 608 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 439:

ATGThGGCGG ACGTAAAGGA CATGTTTATA CTGATGATCG AGCATTAGAT ATTGATATCG 60
 TTCGCGCTGC TCAAGCAGAT GGTAAAGCTA CTAACCCCGA ACAATTATTT GCAGCAGGTT 120
 ATGCATCTTG CTTCAACGGT GCTTTCGACC TAATTTTAAA GCAAAACAAA GTGCGTGATG 180
 CTCATCCAGA AGTAACACTA ACAGTGAGAC TAGAAGATGA TTCAGACTCA GAAAGTCCTA 240
 AATTAAGTGT TTCAATTGAT GCGACAATTA AAAATGTTAT ATCTCAAGAA GAAGCTGAAA 300
 AATATTTACA AATGGCTCAT GAATTTTGTC CATATTCAAA AGCGACTCAA GGAAATATTA 360
 ATGTCGATTT AAATGTAAAT GTGTAGATT AGCATTAACT TAAAGAGATT ATTCAACGTT 420
 ATTAATAAAA TTCACATAAA ATTCAAATt stCrAcCAA AATTTTTGGT TGGyTATTTT 480
 TTCTATTCGT GATTGAAATT TCTGGCAATA TTAACTGAA AATGATTGTA CCTTAGTCAT 540
 CATAAATGTG ACCGGTTCCA ATACTGGCTT GACTTCTTCG CATACCGTCT ACAAATAAAA 600
 GTCCAGTG 608

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 440:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 682 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 440:

CCTTTCAAtT TCTCCCAAgA TTTACGCATG TCTGACCAA TGTCAATACA ATACCTGAAT 60
 AATGATTTCT GGAGTAATTG CGAAAAATAT TAAAAGTTG CTATAGATCA ATTTTCAAAT 120
 TATAGTATCT CATCTCAAGT TTCTAACTAT CATTTCACAG TATTACTTGG AGATCGCCAA 180
 AAACCACTTA TGTATCTAAA TAAAAATCGC GGTGGTGATG GTGGCATACC AGGTTATATT 240
 ATGATTTATT TAGTGCCGAG TACAAGTACA ATTAATTCTA TGAAAAGCTT AATTGCACAT 300
 GAAGTAAATC ATAATATGCG CTATCAATAT ATTGATTGGG ATGGCGGAAG TTTGATTGAA 360

ATTGGACCGT GGGTAACAAA TACTAATTGA AGTCGTGATA ACGTAAAAAT TAAAAATACT 480
 ATTTATAATC ATTTACATTT AAAGCATATA TTGAATCGA tGCCTTATCT CTATGGTGAT 540
 5 GATATTAATA AACTTCAAGG TAGGCCTATC GTTGGCTTAT CTCATGCTGC CGGGTATGCA 600
 TGTGGCTATC ACTTGGTAAA ATACTTTTTTA CAAAAAACAA ACATACCTAT TGAAGTTGCT 660
 ACAACACTTC CAGCACAAAA AA 682

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 441:

(1) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 2574 base pairs

15 (B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 441:

ATCTTCTTTT AACATGACAA ATTGCAACAA AATATTAATG ACGCCAAAAG ACATTTTTTTC 60
 ACGTTCAATT AATTCTTCAA CCATTGTCTT TTGCGATATA GTTGGTTCTG ATTCAGACCA 120
 25 AGAAGCTAAC ATATCAATTG GACTCGTTTG TTCAAGTAAC TCAAACCAAT CATCACTTTG 180
 TGGCTTTGGA TTCACTTCTG AAGATTTGCC CGCCGAAGAT GATGTAGCAG GAGATTTCAC 240
 CTGTAATTTA GGCATTTGAT TTTCGTGTTT CATTAAAGTAA TACGAGCGTG CTTGTTTACG 300
 30 CATTTCTTCA AAGGATAACT GTTGTCCACT TGTAATTGAA TTTAAAATAA CATGCTTCAT 360
 GCCATCTGCT GTTAAACCAT ATAAAGTCGC GAGTTGTGTA ATTAAACGCT TTGCATCTTT 420
 35 GGTAACAATG TCTTGACTAA TAAAATGTTT ACCTAACATT TGTCTCAACA TTTCAAAGTC 480
 AAAAGATTCA TTTGATAAAT CGATACCTTG GTACGGTTCA TTAATCGGaa TATCACTTGT 540
 ATCGATATCT ATTTTGTAG ACGGCACTTT AAAAAACATCA GTAAATTGTC TTGTTACCTG 600
 40 TTTAAATTCA CTCAAATCAA TTTGTTGATA CTCAAAGTAT TTCTTCAACT CATGAAATCG 660
 ACGATGCTCG ACTTCACTAT ATAAAAAGAT TGACAACATT GGATCATTAA AAAATAAATG 720
 TGCTGAAGGG GtTGaATTAA TTGGTAAACA AATTGTGTTT CTTGTTCATC ATGTTTGACA 780
 45 AACGCCTTTA ACAATCCAAT CGCTTCAAGT AAGTCCATTT GTTGTCTAAA CTCTAGTAAA 840
 TTAATTTTAA GTTCATTCAT AAAAATATAA TGAGAAAGAA TCAATGTTTC ATTATGACTT 900
 TCTTTAACGA ATTGAGTCAT AAAATGATAT AAACCCACTG CTTGCGTTCC AATTAGCGGT 960
 50 GTATACAGTC GATTCAATAC CTCTAAATGA TTCGTATTTA AATCAAAGTG TTGCATAACT 1020
 TTGAATTGAT CCTTTGGTCT TAAGCCGAAT TCGAAGGCTT GTCGTCCCaT TTAAGCnATC 1080

AAATTCTTTA TAGACTGATG CAAATCTAAC ATATGAACT TGATCAACAT GCATTAACAA 1200
 GTTCATAACG TGTTACCTA TATCTCGTGA AGACACTTCC GTATGACCTT CATCTCGTAA 1260
 5 TTGCCATTCA ACCTTGTTAG TTATGTCTTC AAGTTGTGA TATCTAACTG GTCGTTTCTC 1320
 ACAAGAACGC ACAAGTCCAT TAAGTATCTT TTCTCTTGAA AACTGCTCTC TTGTGCCATC 1380
 TTTTTCACA ACTATAAGCT GACTAACTTC GATATGTTCA AATGTAGTGA AACGTGTTCC 1440
 10 ACAATTTTCA CATTCTCTTC GTCTTCGAAT GGCATTTAAT TCATCGGCAT GCCTTGAATC 1500
 TACAACCTTA GATTGTGTAG AATTACATT CGGGCATTTC ATTACATCAC CCTCTTTATT 1560
 TTGATTATGC CTAATTATAC TATAAATCTA GAGATGAAAA AAGAATCCCT CAATTTAATT 1620
 15 CATTTAACCA AATAATGAAA CAATAAAAAA CATTATATCG TTACTTATTA AGTAATTTGC 1680
 ATGACAATAT TATTGTATTA AAAATAAAAA ACCTAACTCC GAAGTCAGAG TTAGGCTATA 1740
 AATTAATTGT ATTAACCTGC ACTTACAGTT TCTTTTGATG TCAAAAGTGC TCCAATTTGC 1800
 TCAGCAACAT CTACAACTCT ATTTGAATAA CCCCATTCAT TATCATACCA AGCAATAACT 1860
 TTTACTTTAT TCCCTGACAT GACCATTGTT GATTTTGCAT CAATAATAGC TGAATTTGGA 1920
 25 TTAGTATTAA AATCAACAGA CACTAGTGGT TGATGTTGGA CTTCTATGAT ACCTTCTAAA 1980
 CCTGCATTTT CAAAAGCTTG GTTTACTTCT TCTGCAGTTA CTTCTTTTTC TAAATCAACA 2040
 ACTAAATCAA CGAGCGATAC ATTCTTTGTT GGTACACGTA ATGCCATGCC GTGTAATTTA 2100
 30 CCTTCTAATT CTGGTAATAC TTCTTTTAAA GCTTTGCGCG CACCAGTAGA AGTAGGAATA 2160
 ATGCTTTTCA TACATGAACG TGCACGTCTT AAATCTTTAT GTGGATTATC AATATTTTTT 2220
 TGGTCATTTG TAATAGCGTG AACAGTAGTC ATTAAACCAT TAACTATTCC AACTGATTA 2280
 35 TTTAAACTT TTGCAACTGG ACCAATGCAA TTAGTAGTAC ATGAAGCATT ACTAAAAATG 2340
 TCAAATGCTT CTATATCTAA TTGGTTATCA TTTACGCTT TAACTACCAT TTGAACATGT 2400
 CCACCTTTTG nAGGACCAGT TAACAAAAsT TTTtGGCAC CTGCTTTAAT ATGTGCGATG 2460
 40 GCTTTATCAC CATGaTTAAA TTTACcAGTT GCATCTATAG CAATATCGAT ATCTAATTCT 2520
 TTCCATGGCA AGTTTTCAGG ATTGCGATCA GCAACCAATT TAATTTTATG ATCT 2574

45 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 442:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 3326 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 50 (D) TOPOLOGY: linear

55

	CAAGGTACCG	GTTTAGGTTT	GTTTATTGT	AAAATGATTA	TCGAAGAGCA	TGGTGGTTCC	60
	ATAGATGTTA	AAAGCGAATT	AGGGAAAGGC	ACAACATTTA	TTATTAAACT	ACCAAAACCA	120
5	GAATAAAATT	GAATATAGTT	ATTTTCAGAAC	GCATGTTATT	GATTAGAGAC	TCTAATTTAT	180
	AGCATGCGTT	TTTTGATTGA	TGTGGGGAAT	TTTGTATGTG	GATTAGAACT	TAGGGTTTTT	240
	GCGAATATCA	ACTATTAAAT	ATATTACTAA	TTTATACAAA	AATATAAAGT	TTGATAAAGT	300
10	TATTTATTTG	ATTATAAAAA	TAGGGTAAAA	TATAGATATA	TTGTATTAAT	TAAATTATTC	360
	GAGGTGTCAT	ATGAAAAAAT	TCATTGGATC	AGTTTTAGCT	ACGACATTAA	TTTTAGGGGG	420
15	ATGTTCACG	ATGGAAAAATG	AATCAAAAAA	AGACACAAAA	ACAGAAACAA	AATCTGTACC	480
	AGAAGAAATG	GAAGCTTCAA	AATATGTAGG	CCAAGGCTTC	CAACCGCCTG	CAGAAAAAAA	540
	TGCGATTGAA	TTTGCGAAGA	AGCATCGTAA	AGAATTTGAA	AAAGTAGGTG	AACAATTCTT	600
20	TAAAGATAAC	TTTGGACTAA	AAGTTAAAGC	TACAAATGTT	GTAGGTAAAG	ATGATGGTGT	660
	AGAAGTTTAT	GTGCATTGTG	AAGATCATGG	CATTGTATTT	AATGCAAGTC	TACCTTTGTA	720
	CAAAGATGCC	ATCCATCAAA	AAGGATCAAT	GCGCAGTAAT	GACAATGGTg	ATGATATGAG	780
25	TATGATGGTG	GGTACAGTGC	TGAGTGGCTT	TGAATATCGA	GCGCAAAAAG	AAAAGTATGA	840
	TAACCTATAT	AAATTCITCA	AAGAAAATGA	AAAGAAATAT	CAATATACAG	GCTTTACAAA	900
30	AGAGGCAATT	AACAAGACAC	AAAATGTCGG	ATATAAAAAT	GAATATTTTT	ATATTACATA	960
	CTCTCTAGA	AGTTTAAAAG	AATATCGAAA	GTATTATGAA	CCACTGATTG	GAAAAAATGA	1020
	TAAAGAATTT	AAAGAAGGAA	TGGAACGAGC	AAGAAAAGAA	GTGAATTACG	CTGCAAATAC	1080
35	AGATGCTGTT	GCTACACTTT	TTTCTACTAA	GAAAAACTTT	ACTAAAGACA	ATACAGTAGA	1140
	TGATGTAATC	GAACCTAAGT	ATAAATTATA	TAATTTAAAA	AATAAACCAG	ATAAATCTAC	1200
	AATCACAATA	CAAATAGGGA	AACCCACTAT	TAATACTAAG	AAAGCCTTTT	ATGATGATAA	1260
40	TCGTCCAATA	GAATATGGGG	TGCACAGTAA	AGATGAATAA	AATTAATGAT	AGGGATTTAA	1320
	CAGAATTAAG	TAGTTACTGG	GTTTATCAAA	ATATTGATAT	AAAAAAAGAA	TTTAAAGTTA	1380
45	ATGGAAAAAG	GTTTAAACAA	GTAGACAGTT	ATAATGATGA	TAAGAATAGT	AATTTGAATG	1440
	GTGCTGCTGA	TATTAAAATA	TATGAGTTAT	TAGATGATAA	AAGTAAACCA	ACTGGTCAAC	1500
	AGACAATAAT	TTATCAAGGA	ACATCTAATG	AGGCAATTAA	TCCAAATAAT	CCATTAAAAT	1560
50	CATCGGGGTT	TGGAGATGAT	TGGCTCCAAA	ATGCTAAATT	AATGAATAAT	GATAATGAAA	1620
	GCACAGATTA	TTTAAAGCAA	ACAGATCAAT	TATCAAATCA	ATATAAAATA	AAGTTAGAAG	1680
	ATGCAGATAG	ATTATCAAAT	AGTGATTTTT	TAAAAAATA	TAGAATGGAA	TCAAGTAACT	1740

55

	ATCAAGGAGC GAAACATCCG AATGAAAAAG TTGTTGCTAC TGA CTCAGCA ATGATTCCTT	1860
	ATGCTGCTTG GCAGAAATTT GCTAGACCAC GCTTTGaTAA TATGATTAGT TTTAATAGTA	1920
5	CCAACGATTT ATTAACATGG TTACAAGATC CATTCaTCAA AGATATGCCA GGAAAACGCG	1980
	TTAACATTAA TGATGGTGTG CCCAGGTTAG ATACTTTAAT AGACAGCCAT GTAGGTTATA	2040
	AAAGGAAGTT AAATAGAAAA GATAACACAT ACGATACTGT ACCACTAATC AAAATAAAGT	2100
10	CGGTAAAAGA TACAGAAATT AAAAATGGAA AAAAAGTAAA AAAGACTATT AACATAACAT	2160
	TAGATATGGA TGGCGAATT CCAATAAATG TTTGGACAGG AGATTGATT GCACGTTCTG	2220
	GAAGAGGAAC TTTAATTAAA CTTAATTTAG AAAATCTTGA TCGTTGAGT AAAGTATTAA	2280
15	CTGGTGAAAC AAGTGGTATG TTAGCAGAAT GCGTAATCTT TTTAAATGAA AGTTTTAACA	2340
	TCTCAGAAAA TGAAAATAAA AATTTTGCAG ATAGAAAGAA ACAATTATCA GAAGGATTTA	2400
20	AGGATAAGAT TAACTTATTT CAGTTAGAAG AAATGGAAAG AACTTTAATT AGTAAAATAA	2460
	ACTCACTTGA AGAAGTTGCA GATGAAACAA TAGAAAGTAT TAGTGCTGTT AAACACTTAT	2520
	TACCTGATTT TGCATTGGAT GCATTAAAAG AAAGAATTAA TGAGTTGTTT AAAGGTATAA	2580
25	AATCTTTTAT AGAAAAAGTG TATGATAGTA TAGATAATGA AATTTTAGAA ATTTTCAAAA	2640
	ATATAGATCA CGACTTCAGA GATGGAGTAT CTGAAGAAAT GATGAAACAT TTGAAAGTAG	2700
	TGAAACAGAA TATAGACCAA ATAAAAAATC AAAATGATAT TTATGGTAGG CAAATTGCAG	2760
30	ATATTAGAAG TATTATGAAA CAACAAGATG CAACAATTTT AGATGGAAAT TTTCAAATTA	2820
	ATTGTAGCGG CGAAAATATG GTACAGGGTC TAGTTATACC TTCTAATTAT TTAGGAAGAA	2880
	AAATGAAAT ATTAAGAGAC CATATCGATG ATGGTATTAA AAAAATAGCA GACTATGTTT	2940
35	AAGGTATATA TGATGAATAT GCATCGAAAA TTGTCGATGT AATAAAATAT TTGATTAATA	3000
	CAATTCCTAA AATACGTAAG AATTAAAGAC ATGCAATTGA AATGTTAAAT GTAAAAAGA	3060
40	AAGAATTTTT GTCCCTGATT CCTAATGTAA CTTGTAATTA TATTAAACT AAATTAGAAG	3120
	AATTAGATAA TACTTTAGGC AAATGGGAGC CTTTTCTTAA TGATTAAAA GCAGTGTAC	3180
	CAATTTTAGA TAACCATTTA GATGATATTG TTAAGAACAT GAAGCCTTTG ATTGTACAAA	3240
45	TGAYATWTGA ACCATCACAT TATGaCGATA TGTTTAATTC aAGAAAAGCT TTAACGcCAG	3300
	TGTTCTCAAG CGTTTTATAA AGGTTG	3326

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 443:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 5301 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 443:

5	ACCTATAGCT GGCCCGTCAA GTCCTGAATC ATATGTCGCT ATAAACCCAG TTGCATGCCC	60
	AGCAATCTCG GTTTC AATTT CAAATCATG CTCTTTCAA CGATCTATTA AAGTTTCGAGA	120
	CGCAAATATT TCTTCATTAC CAAGTTCAGG ACGTTCATGA ATTCTATGAC TGATTTCGAT	180
10	ATAACTATAT TTATTTGTTT CTATATAATC GAGAATTTGT TGTMTTTCAC TCATTTTMTA	240
	CTATCTCCCT TTTACCCTAC ACTCATTTTA ATCATCCACA ATATTTTGT TTTTCAAAT	300
	GAATTATTAC TTATTCTATC GGTTTTATCT CATGATGTCA TCTAGTTTTT CTTTATTAC	360
15	AAAATTTTCT AATAACTAAA aGCCTTTCAT AAATTTATAA AACAGTTTCA AATTGTAAAA	420
	CATAAGCCCT ATTGTTACAA TTTAAGTATT GTTAGAAACA CAACTTACAA CAACTTAAG	480
20	TTTTATAATG CAACAAATCA TAAGCGTTTT ATAGTTTIGA GTAGTTAATA GGAGGAAATT	540
	CAAAATGACA AAAATGAATG TTGAAAGTTT aAATTTAGAT CaTAcTAAGG TGGTTGCCCC	600
	ATTTATTAGA TTAGCGGGAA CGATGGAAGG ATTAAACGGA GATGTCATT CAAATACGA	660
25	CATTCGTTTC AAACAACCAA ACAAGAACA TATGGATATG cCCGGA CTAC ATTCATTAGA	720
	ACATTTAATG GCTGAAAATA TTAGAAATCA TAGTGACAA GTTGTTGATT TAAGTCCTAT	780
	GGGTTGCCAA ACTGGTTTCT ATGTATCATT TATTAATCAT GATAATTATG ATGATGTATT	840
30	AAATATTGTT GAAGCAACTT TAAATGATGT GCTAAATGCT ACTGAAGTGC CTGCTTGTA	900
	TGAAGTACAA TGTGGCTGGG CAGCAAGTCA TTCATTAGAA GGTGCTAAAA CTATCGCTCA	960
35	AGCATTCTA GACAAACGAA ACGAATGGCA TGATGTTTTT C GTACAGGAA AATAAATCTT	1020
	AGTCAATCAA GTTAATCAGA AAaGCAGTCG AACAAATGATT TTACAATCGC CATTGTCCAA	1080
	CTGCTTTTTA TTATGCTTCA AAGTCAAAAA ATCGAACAAA TGAAAAAGTA AAATCTTTAA	1140
40	CATTTGTCCG ATTTATTGA GAACCACTAT AATTTCTTAA TTAGTCCCAT TAACACGAAC	1200
	TGCATAGGTA ACCTTAAATA TAGTTGCCAT GTTGGCAATT GTTTATCTCC TAAAGGTAAC	1260
	TTTTTAACTG CCATATAGAT ATTAGCTGGG AATACAGCTA GCAAGAATAG ATTGATTGTA	1320
45	TTTTTCAAGC ATTGAGATGG TCTTTTAATT AAAAGTGCAA GTCCAAATAA TATCTCAAAG	1380
	ATTCCTGTAA CAAGAACCGC TGTTTTTCGA AGTGGCAAAC ATTTCGGTAT GATATTTCTA	1440
	AATTGTCGTT CTCGTGTAAA ATGCAATACA CCTATTACAC TAAAACCTAT TCCTAATAAA	1500
50	TATCTTAGTA TGTTCAATCA GCTTCACTC CTATTCTGTA ATGATTTTAT GAATTAATGT	1560
	AGGCGATACA ACATGaTCAG CAATTGTTAT GCTTGAATCT AATTTTTTAA CAACATCGTC	1620

55

	AATTTTTTTA	TTTAAAACAA	TACCAACCGC	TAAATCAATA	TCATCCTCTT	TTGTTAAACG	1740
	TCCCGCTCCT	AACATCATCG	AAGCGACACC	TATATCGTTA	GAGACTAATT	CAGTCACATA	1800
5	ACCTGATTTT	TTAGCTTTAT	ATTCAATTTG	ATATTGAGCT	TGTGGCAAAC	GCTCTGGATG	1860
	GTCAATAACA	GTTTCGTCGC	CACCTTGGTT	TTTAATAAAT	GTTTTGAATT	TTTCTAATGC	1920
	TGCACCTGAA	TTAATTGCCT	CAATTAGCAA	CGCTCTCGCT	TCTTCAAGCG	TTTCAGCTTT	1980
10	GTTTGCAAGT	ACAACCATTT	GAGAACCTAA	TGTTAATACA	AGTTCTGTTA	AATCTTTCGG	2040
	ACCTTGTCCT	TTCAACGTAT	CAATTGCTTC	TTGTAECTCA	AGCGCATTGC	CAATCGCAGC	2100
	TCCAAGTGGC	TGATTCATAT	CAGAAATAAT	CGCCATCGTA	TTACGTCCCA	CATTATTACC	2160
15	AATACGTACC	ATTGCGTGCG	CTAATGCTTC	AGCATCTTCT	AATGTTTTCA	TAAATGCACC	2220
	GCTACCAGTT	TTTACATCTA	ATACAATTGC	ATCTGCACCA	GCAGCAATCT	TTTTACTCAT	2280
20	AATTGAAGAG	GCAATTAATG	GTATTGAATT	GACAGTACCA	GTAACATCCC	TTAAGGCATA	2340
	TAATTTTTTG	TCTGCAGGAG	TTAAATTTCC	TGATTGTCCT	ACAACTGCCA	CTTTATTTTC	2400
	ATTAACCAAT	TTCACAAATG	TTGCTTCATC	TATTTCAACA	TGAAAACCAT	CAATTGCTTC	2460
25	TAATTTATCA	ATCGTACCAC	CTGTATGACC	TAATCCACGC	CCACTCATTT	TTGCAACAGG	2520
	AACATCTACA	GCTGCTACTA	ATGGTGCTAA	AACCAATGTA	GTTGTATCTC	CTACACCACC	2580
	TGTTGAGTGC	TTATCTACTT	TGACACCTTT	AATATCACTC	AAATCTATCA	TATCACCAGA	2640
30	ATTAACCATA	GCCATCGTTA	ATGCTGCACG	CTCATCATCA	TTCATATCTT	GGAAATAAAT	2700
	CGCCATTGCT	AAACTTGATG	CTTGTTAATC	AGGAATATCC	CCTTTAACAT	AGCCGCCAAT	2760
35	AAAGAAATTA	ATTTCTTCCG	TTGTTAGTGT	ATGACCGTCA	CGCTTTTTCT	CAATAATGTC	2820
	TATCATTCTC	ATTTTTATCA	TCCTTTTCTT	AAAAAGCTTA	GGACAAAGCA	TCTGCGCTTT	2880
	CTCTAGTCCA	TTTTTAAAAG	CACAAGCGAA	AATTATTATA	GCAAGCTATC	GATTTTCATTT	2940
40	TTAATATCAC	AATTTCAATG	CGATGTTATT	ATTCTTAAAT	AGATTGGTTA	TAACGTTAAA	3000
	GTCCCTATTA	AATTATCTTA	GAATCATCAT	GGCATTATG	ATGTCTTAAA	GCTGATATCG	3060
	ACATACTTAT	ATATGGTTAC	GATGTCCCAT	GCTTACATAT	TTTTATAAAA	TTAGTAATCT	3120
45	GAATCTGCTT	CTAAACCTTG	CATAATTG	ACGCCTGCGC	TCGCACCAAT	ACGTGTCGCA	3180
	CCTGCTTCAA	CCATTTTATT	GAAATCTTCT	AAATTACGTA	CGCCACCTGA	TGCTTTTACT	3240
	TCTATATCAG	CACCTACTGT	ATCTTTCATT	AATTTAACGT	CTTCTGCAGT	CGCACCGCCA	3300
50	CCTGCAAAAC	CTGTTGAAGT	TTTAACGAAG	TCCGCACCAG	CCGCTTTTGT	TAATTCACTC	3360
	GCTTTTACAA	TTTCGTCATG	GTCCAACAAT	ACCGTCTCAA	TAATCACTTT	TACTGTGTGA	3420
55							

	TTTAATGCGC CGATGTTGAT GACCATGTCA ATTTTCATCTG CACCATTTTG AATCGCATCT	3540
	TCTGTTTCAA ATGCTTTCGT CGCAGTTGTC GATGCACCTA ATGGGAATCC TATTACCGTA	3600
5	CAAACATAACA CCTCTGAATC AGCTAGTCGC TCTGCTGCAT ATTTAACATG CGTTGGATTG	3660
	ACACATACAG ATTTAAAAATG GTATGCTTTC GCTTCATCGA TGATTTGATC GATTTGCGTA	3720
	CGTGTGACT CAGGCTTCAA TAAAGTGTGA TCAATCAATT TTGCACTATT CATTCTCTAT	3780
10	CTCCTCCTTT ATGGTTGATT ATAAAAATAC GGTGTGAAAT TAGTTGATTG AGCGTCAGGT	3840
	TCATTTAAAT ATCAGGTTAG ATGTTCCGCTT TTTATGTAAC CGCATACATA TACTATTACA	3900
	TTAATTCATT TCCCATAAAC AAACAATACA ATTGAACGTG ATATCTTCAT TATGAACGAT	3960
15	GACTTGACAA CAAGCTAATC AGGATTATAT TTTTATAATT CTTTAAITCT ATAGTACAAA	4020
	AATTCGCAAA AAAGGGAAAC AAATGTTATC TTAAAAATTAT TAATGAATAT TAAGGAGAAG	4080
20	ATAACAAATG ACAAAGGTA CACCACATAT TCAACCAAAT GGAGTAAAAA TTGCTAAAAC	4140
	AGTATTAATG CCTGGCGATC CGCTACGTGC AAAATATATT GCTGATAATT TTTTAGAAAA	4200
	TGTTGAACAA TTTAACGATG TACGTAACAT GTTTGGTTAC ACTGGTACAT ATAAAGGTAA	4260
25	AGAAGTTTCT GTAATGGGTT CTGGTATGGG TATTCCAAGT ATTGGTATTT ACTCATATGA	4320
	GTTATACAAC TTCTTTGATG TAGATACAAT CATTTCGTATC GGTTCTTGTG GCGCATTACA	4380
	AGAAAAATGTT AACTTATACG ATGTTATTAT TGCACAAGCT GCATCAACTA ATTCAAATTA	4440
30	TGTAGATCAA TACAATATTC CAGGTCATTT CGCGCCTATC GCTGACTTCG AGTTAGTAAC	4500
	TAAAGCTAAA AATGTCGCTG ACCAAATCGG TGCTACTACA CACGTAGGTA ACGTATTATC	4560
35	TTCTGATACA TTTTACAATG CCGATCCAAC ATTCAATGAT GCTTGGAAAA AAATGGGTAT	4620
	TTTAGGTATC GAAATGGAAT CAGCTGGTTT ATATTTAAAT GCGATTCTATG CTGGTAAAAA	4680
	AGCACTTGGT ATTTTCACAG TAAGTGATCA TATTTTACGT GACGAAGCTA CTACACCTGA	4740
40	AGAACGTCAA AATTCATTTA CACAAATGAT GGAAATCGCT TTAGAAATCG CAGAGTAACT	4800
	TATTTAAATT GACTTTAATT GCTCTTTAAC AATGCGATTA AACTCAAAAA GCCAACACAT	4860
	TCTGGGCGTA TCCCATTTA TGTGTTGGCT TTTATTTATA TTATTACTTA TCTGTAGATT	4920
45	AGCTTAAGTA AGATTTAAAC ATCCAATTAT GTTTATCTAC TGATGTTTGC ATACCTATAA	4980
	ACATATCTTC TGATACATCA TCGCCAGCAT TACCAGCAAT TTCGATTGCG TTTTCTAATT	5040
	GTTTTGAGAT ATTTGTGAAG TCTTGTGATA ATTCTTCAAC CATTTGTTCT GCAGAGTAAC	5100
50	CTTTCGCAGC TTCTTTAACA ATTGATTGCT CTAAGCATTC AGTTAATGTA CCTACAGGGT	5160
	TTCTCCTAC CGCTAAAATT CTTTCAGCTA ATTCGTCTAC ATATTGGCTT GCTTCATTAT	5220

55

AATTGTGTAG CTTTGTGTAA G

5301

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 444:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 11466 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 444:

5	GAAGATGAAA GCTATATTGA AGATGATGTT ACTAAAAAGG AAGCTATTTT AAGTATGCAA	60
15	ATTCCTAAAG GTTCTCTCA AAAATTAAAA GAGAACCGTT TAAAGAAAC GATACAGTTA	120
	TATGGTAGAG ATGACTTTAT AGGTGGTATT GCTGTAGAAA TTGTTAGTAG TTCATTATAT	180
20	GAGCAGCAAA TTCCTAACAT TATTTATGAA CACCTTGAGG ATATGAAACA GCATCAATCC	240
	ATCGATGCTA TCAACAAGTC CTATCATAAA CATAACCTG AATCTAAAAT CAAATTTGTG	300
	TCGCTTACTA AACAAGCACA ACACTCTATT TCAATTAGCT TAATCTTTC GGTGATTTTA	360
25	TTGTTAGCG CTGTTCAAGT AGTACTTCAT TATCGTTTAA ACCAACAAGC AGCATTGCAA	420
	CGATTATCAC AATATCATTT AAGCCGTTTC AAATATATA GTACTTATGT AATGACACAT	480
	ACGATTTTGT TATTGTTGGT ACTATTGGCA GTTAGTCTAT ATTTGTCTCA ACCACTCAGC	540
30	TTAATATTTT ACTTAAATC ACTGTTACTT ATATTGATTT ATGAGATAGG TATCGTCTTT	600
	ATCTTATTCC ATATTCAAAC AATAAGTCAT CGATTATTCA TGACATTTAT ATATGCACCT	660
35	GCTATGGGTA TCGTATACTT GATTATTTTC ATGTAAAGGA GCGTAACTGA TGATAGAAAT	720
	TAATAACCTT TCAAAGCGTT ACCGTAACAA ACAGATTTTC AATCATTTAA CTATGTCCTT	780
	TGATAGTAAT CGTTTAACCG TATTACTTGG TGATAATGGT GCTGGAAAAT CAACATTACT	840
40	TCGTATGATT GCTGGTATTG AAAAAGCTAA TGATGGAAT ATCAACTATT TCGGCGAAAA	900
	ATGGAATCAA AGACAATAC AAAATCACAT CGGTTATGTG CCACAAGACA TTGCGTTATT	960
	TGAACACATG ACAGTGGCTG AAAACATTAA ATTTTTTAAA TCACCTTGTA AAAATCCAAT	1020
45	TAACGATACA ACTATCAACG AATATTTACA GCAATTAAAC TTTGATGATA CGTCTGCCAA	1080
	AGTATCTACA TTGTCCGGTG GGAATAAAGC TAAATTAAT ATATTAGTAG GTTTACTAGG	1140
	TCAACCTCGA ATTCTCATTT TAGATGAACC GACAGTTGGT ATTGATTTAA AATCTAGACA	1200
50	TGACATCCAC CAACTACTTA ACATCATGAA ATCTAAATGT TTAATTATAT TAACTACCCA	1260
	TCATTTAGAT GAAGTTGAAG CACTGTCAGA TGATATCAAG TTAATTGGCC AAGATCCTTT	1320

55

	CCCAAGCTGC GTATGATATC GCAACTTGGG ATTTTCTGTA TTATCTACTT TGCAAGTATG	1440	
	ACGTTGGGTC TACTGCATAT TGATTACCGA TGCCACCAGA CATACGTTGG AAGTGTACGT	1500	
5	GAGGCGCTGT TGAATTACCC GTACTACCTG AATATGCAAT TTGGTCACCA GCTTTGACTT	1560	
	TATCACCAGC TGAAACAGTT AAACGATTAT TATGCATATA CCATTGGTAG TTATTACTGT	1620	
	TCGCTTCTTT AATCGTTACT TGATTGCCGC CACCATAGTT ACTCCAACCT GCTTGTTACTA	1680	
10	CTGTACCATC AGTTAATGAG TAAACTGGTG AATTTTCAGG CATTGCATAG TCGACACCGT	1740	
	ATGCGCACC ACCACCGTGA TATTGTCCAT ATGGTTGTAG TTGTTTACGA CTTGTTAACC	1800	A
	GCTTGGCTC TTTCGCATGA CCACTAGCTG TCGCTTTACT TGCTGATCCA CCATTTTGAT	1860	15 A
	AGATGTGCC ATTAGGATAA TTGACCTTTC CATTACCATC ATGGCTGTTA TACGCTTGGT	1920	T
	GTTGTTACT ATGTGAATAA TAGCTCGCGT CTGGACCTAC ATTTGATTGA TAACCATATT	1980	T
	ATTAATATG CTGTTGGCTT TGACTCGCTG TGTAGTCATT GTTATCTCCT GCTGTTGCTG	2040	20 G
	ATTCACATA TGTTTGGCCG CTTCCATTGG CATTTGCATT TTTTGGATAA CAGTTATAAA	2100	G
	ATAATGCGT ATGTCCTTGA GCATCTACGA ATGTATAGCT ATATTCTTTA TTATCAAACA	2160	A
	TGCTTGATT CCAGTTACCA TCAGGTGTGT GATGATAATC CCCATTAGAA TCAATTGTAT	2220	25 T
	ATAAGTACC ATAAGATACG TCTTGTGATT GTGTTGACAT TTGTGTATGT GCTTGTGGG	2280	A
	GTTTGTCTG TTCTGCTGCA TCTGCTTGAT GCGCCATTGT AAATGTAGCG AATCCATCGT	2340	T
	GCAATCGCT GCTGCTGTTA ATTTTTCAT GTATAAAACA TCCTCCATTA AAGTTAAAGT	2400	30 T
	AGTTTTCOA TTAAACTGTA CTGCACATAC TAAAAGAATT AGACAACTGA GTAAAGGATT	2460	T
	AATTCTCAT TTTCCAATA TTTAATATC CCGAAATGTT TTAATAAAT CATTACATTG	2520	35 T
	CATTACAAA ATAGCCATAC ATTGATATTA AAATGACATC TCTCACTGCA TTCGTTTAAC	2580	T
	TTTTATAAA TTTTCAAAT TAACAACTAA TCGTTCGTCC ATGTTCCGCA TTCAACGCTA	2640	C
	TGCATGATA GTAATCATCC ATCAAATCAT ATCAACCAAA TTCCATTATC AATCGCTATT	2700	40 A
	ATTGTCATT CAACTTTCTA ATAGTGATAT GCTTCTCAGG CTAAAAATC GTCATATCTT	2760	G
	TCTATTAAT TAAATCATCT GTGAGCTTTA ATGCTACTAA TTCATTGCTG CCATAATACT	2820	T
	AATATATAA CGTTCTTGTA GTTAAATTTA TTACGGTCTG ATACATCGTA TAGTGATTGT	2880	45 T
	AGCATCATG CGGACGTACA ATTCCAATCG GTATATTTAC CGCATCTAAT AAATAAAATG	2940	C
	ATTCATTAA ATCCATTCTT TTATCATTTG TTTGAGCAAT GTTTGCTTTC ATAAATGCCA	3000	C
	TCTCACAAA GCGCTCAGTT GAAGTAAATC CACCTGGCAA TCCAAATGTA CCTGCTTCAT	3060	50 T
	GCCTAAAGG TTCAATCGTT ACACCTTCCA ATAAATTTGC TGTGCTGGA TAAGGAGAAA	3120	T

	CACCAATAGG ATTATCTTTT ATAACCACTT CACCCTCTTT AAATGAAACT TCGACTGTAT	3240
	GTCCAGTTGC ATCGGAAACA TGATAATGCA ATGGCGGAAC TTCACCGATG TCATTTAAAT	3300
5	ATACAGCTAC AACATGTATT TGGGATGCTT GTTGTTCAT ATCTTCAATG CTTGTTGTAT	3360
	ATCCCAAAT CCATGTCACA ATTTCATTTT GCGTAATATT CATCGCGTCC GCTTTGTGTG	3420
	TTGATCCATA TGAATAATA CCTCGGAAAT ATTGTGTGA AATGGCAACG CcATGtCAT	3480
10	TAACACCATC ACCATAAATA AAACCTTCCA TATCTGTTCC TGTGCCAATA AAGCCATATT	3540
	GCGTTTGGCC TGTCGTGCCA GTGCAAGATT TCCAACGATA ATTTCTAGGC GTCAGTCTG	3600
	GCGAACCATC TAATGGATAA TCATAATCCA TCGTGCGTCC AAGAAGTACT TGATTATTTA	3660
15	AAGTTTGAT TGTGAATCCT GTGCACATTG TTCTCACTCC TCTGTACCTT CATTTACTTT	3720
	AATCACTTTC AAATAAAGCT GTTTCACCTA AACATACTAT AAAAAATCAA TTATACAAGC	3780
20	AATTAATTGA TATTCATTCT CAATAACTGT GGTATGATAT GTAAGGAAAT CATGACTTAT	3840
	GTGTGAGTGA ACGATCATCT ATACATCCGT TCACTTCATC TCATGACTTT CTATATTTAA	3900
	TTTTTACAAG GAGTGACATC TGTGAATAAC ACACAATCTT CACCACGCAG TAATATTATT	3960
25	ATTGCGATTA TGTGTCTGCT ATTAACATAT TGGTTGTTTG CACAATCATT TATTAATATA	4020
	GGACCTCTCG TTGGTCAAAC ATATCAAACC TCTCCTGCCG TGTTAAATTT ATCTATTAGT	4080
	TTAACTTCCT TCGCCACAGG TATCTTCATG GTGGCTGCAG GTGATATTGC TGATAAAATA	4140
30	GGACAACTGA GAATGACATA CATGGGTCTC ATAATCAGTA TGTTTGCATC TCTTCTATTA	4200
	ATTATATCGG ACATCACTGC ACTGCTCATC ATCGGTAGAA TTTTACAAGG TCTATCAGCA	4260
35	GCTATCTTGT TACCTTCAAC AGTTGGCGTG TTAAATAATC AATTTAAAGG AGAACATTTA	4320
	AGACGAGCGA TTAGTTATCT AATGATTAGT ACTGTTGGTG GCATCGGCCT AGCTGGTGTT	4380
	ATCGGCGGTT TAATTGCCTC AAATTTGCGA TGGCAAACGA ATTTCAATCAT TAGTATAGTC	4440
40	ATTGCTTTCA TTGCCATATT GCTTCTAAAA GGCACACCTG AAAAAGTAAG TCAACATAGC	4500
	CACCGTCATC CATTCGATTA CAAAGGTATG TCGATTTTCG CTGTTATGAT TGGTAGCTTT	4560
	ACATTATTGT TAACACAAGG ATTCGAACAA GGTGTTTGA GTACATTTTC AATCATTGT	4620
45	CTGAGCATTT TTATCaTCac TACGTTGATA TTCATCATCA TCGAACGTCG ACATGAAGTA	4680
	CCTTTTATTG ATTTCTCAGT ATTACGCAAC CGTCCGTTCA TTGGTGCAAT TTTAAATAAC	4740
	TTTGTTTTAA ATAGCGGTCT AGGCGTAACA GTGGTCTTTT TCATATATGC TCAAACACAC	4800
50	CTTGGTTTAt CAgcTGCGCA ATCTGGACTT GTTACATTGC CATATGCCAT TGTGGCAGTT	4860
	GCGATGATTC GTTTAGGTGA AAAAGCAACA TTACGTTTCG GTGGCAAATT GATGCTCATC	4920

55

	TCACAATATG TCATTGCAGT TATCATTGGT TTCGTCATAT GTGCGATAGG TAATGGTTTA	5040
	GTCGCAACAC CTGGACTTAC GATTGCAATT TTCAGTATGC CTAATGAAAA AGTTGGTTTA	5100
5	GCTACAGGAT TATATAAAAT GAGTGGTACA TTAGGTGGCT CCTTTGGTAT AGCACTAAGT	5160
	ACTACAGTTT TCAGTATGTT ACAACTAAAC TATGCACCAA GTGTAGCTGC AACCGTAACA	5220
	TTTATAGTCA GCATTGTATT GATGATCCTT GGCTCATTGT CTGCATACAT GATCATTCCA	5280
10	AAAACAGTTA AATCTTAAAT ATAATAGAAG AATTATGTTT CGAAATATCT TTATCACTTT	5340
	AAAATGATAT ACAAGAAATC CAAGAAAAAT AAGCGAACTG AATAAATAAA GATTCAATTA	5400
	ACGCATCAGT ATTAGGATTC ACTCTAAAAC GATTAATAGT TTTATAAGAA GGTGTTTGAT	5460
15	CTTGAGCTAA CCACATCATT CGAATACTGT CATGAAGTAA TTTCTCTAFT CTACGACCAG	5520
	AAAATACAGA TTGAGTATAT GCATATAAGA TGATTTTTAA CATCATCTTT GGATGATAGG	5580
20	ATGTTGCGcC ACGATGATGT CTGAATTCAT CGAATTTGCT ATCAGGTATC GTTTCACAA	5640
	TTTCATTAAC ATGTCGCGAA ATATCATTTT GAGGAATTCT AACAGAAGTT TTTATTGGTA	5700
	GTGTAAGTTG GGCAAAGTGT CTTATTTTTT TAAAGTATTT CAAAGTAAAA TTACATGTTA	5760
25	ATACGTAGTA TTAATGGCGA GACTCCTGAG GGAGCAGTGC CAGTCGAAGA CCGAGGCTGA	5820
	GACGGCACCC TAGGAAAGCG AAGCCATTCA ATACGAAGTA TTGTATAAAT AGAGAACAGC	5880
	AGTAAGATAT TTTCTAATTG AAAATTATCT TACTGCTGTT TTTTAGGGAT TTATGTCCCA	5940
30	GCCTCTTACT CTAATTATAT TCACTATCAA TTAGACAAAA TGGCCATTTT CAAATATCAC	6000
	GCGTTGTTTC TGACCTTGAA TATATTTATT ATAATTCTCT TTTTGAAAAT CAGTTAACAT	6060
	TAATTTAGAT GTACCGTATT TTAACACTTT TTGCATTGTT TCTATTCTCA TTTTCTAAA	6120
35	TAACCATCCA TCTTTTAAAC CAATACGATT AACAGCATCA TATGATAATT CTA CTGTTTC	6180
	TTTAATTTCA AATGTCTTGA ATGAAATAAT CGTGCACATT AAAAACGTAT CACCAAAGTA	6240
40	ATAAACATCT AAATCATCAC GTTTATGTTG TCCAAC TAAC AAACGACCAT ATTCGAAC TC	6300
	TTTTTCTGGA TATTTCAATT CTAAAAA ACT AATAATCTCT TCTTCTTTTA ATTTGAATTG	6360
	CATTTAAAAA CATCCTCTCT TAAGTTT TAA CAAGCCTTAA TTAAAAATTT TTTCAATCAC	6420
45	ATAGTTCAAT ATACATCATT TCGTTATGTT TTTTAATACT TTGTTCAAAA ACAAATATTT	6480
	TATCTTTTAA AATAATGACT TTTGTATTTT TAATCACAAT AAACATTTTA AAATTCTTGT	6540
	TATCATAATC ATTAAAAGGT ATTAACCTTA ATAATATAAT CTCTCGTCTC AACCTTAATC	6600
50	GTATACTTCA GACGTCTGTT TG TAGACAAT AAAAGTCATT CACGTCTTCA TATGTCATCA	6660
	AATGTTTATC ATGATATGAT GAATATAATA ATCGGGTATA TAACTGTATG ATTAATTACA	6720

55

	TGGTGTATCA GTTACAACGTG TGTCACATAT TTTAAATCAT AATGATAGTC GTTTTTCCGC	6840
	AACAACGATA AAAAACGTAC ATGCTGTTTC AGAACGTTTA GGCTATGCCC CTAATAAACA	6900
5	TGCAAAACAA TTGCGCGGCA GTAAAATTCA AACTATTGGC GTCATTTTGC CTAGCTTAAC	6960
	AAATCCGTTT TTCTCAGCAC TGATGCAAAG TATTCATGAC CATAAACCAT CTGATGTTGA	7020
	TTTATGCTTT TTAACATCTA CAGCAACTGA TTTGTATGAC AATATTAAAC ATTTAATTGA	7080
10	TCGAGGTATT GACGGATTAA TTATCGCACA ATACATATCA TCCCCGGACG CCCTAAATAA	7140
	CTATCTAAAG AAACATCATG TACCTTATGT CGTACTGGAT CAAAATGACC ATCAAGGCTA	7200
	TACAGATTTT GTTCGGACAA ATGAATATCA AGGTGGACAA CTTGCAGCAC AACATTTAAT	7260
15	AGAACTCGGT CACAACCATA TGATAATTGT TGCACCATAT GACATGATGG CGAATATGTC	7320
	GACTCGTGTC GCTGGATTG TCGATACTTT GCGCGCGAAT CAATTGCCAG AACCACAAAT	7380
20	CGTCCATACT GAATTATCTA AGCGCGGTGG GCTAACCATT GTTGATGACA TCATGGTTCA	7440
	ATCTGCCACT GCAATCTTCG CTATTAACGA TGAACGCT ATTGGCATT TACGAGGACT	7500
	AATTGAACAT GGCATCAGTA TCCCGAAAGA TATCTCATT ATAGGTTATG ACGACATTGA	7560
25	TTATGCAGCG TACGTCTCGC CACCTTTAAC TACTGTGGCA CAACCTATAA CTGATATTGG	7620
	CAAAACATCT TTAACCTTAT TACTTCAACG ATTACAGCAC TTAGATAAAT CCATTGATAT	7680
	GATTGAATTA CCAACGACTT TAAAAATTG TGCAACAACT GGCTATCATC TTTCAAACTA	7740
30	ACTACGTATC TTCCGAAATA TACTCATCAT TGTTAGGCCC TTAGCGTTGC TTTAATGCTG	7800
	AGGGTTTTTA ATCATAATTA TTTTACTAAG AAATTAAAAT AATAATGTAT GAATTTTTAA	7860
35	ATATGATTTA AACGTTTTCA GTTTTTATGA AAACGCATGC ATTTTACAAA TAAAAATGGT	7920
	ACGATGGCAC TGGTAAAACG TTTTACTAAA AACAAATCAT GAGGTGTATA ACATGAGCAT	7980
	TGTTGCATTA CTTATCGGGT TAGGCCCCCTT AATTGGCTGG GGCTTCTTCC CAACAGTCGC	8040
40	TTCAAAGTTT GGTGGTAAAC CTGTACATCA AATTATCGGT GCTACTGTAG GTACGTTAAT	8100
	CTTCGCTATT TTATTAGCCG TAGTCACATC AAGTGGCTTC CCTACTGGAA CCAATTGCT	8160
	ATTGCGCTTA TTATCAGGTG CAGGATGGGG ATTCCGACAA ATCATTACAT TTAAAGCGTT	8220
45	CGAATTAGTC GGCTCATCTC GTGCCATGCC AGTCACAACA GCATTCCAAT TATTAGGCGC	8280
	ATCTTTATGG GGTGTCTTTG CATTAGGAAA TTGGCCAGGC ATTGGTCATA AAATCATTGG	8340
	ATTTACAGCT TTAGTCGTTA TTCTAATTGG AGCGCGTATG ACAGTTTGGA GTGAACGCAA	8400
50	AGAAGCAAGT AACGCCAAAA ATTTACGTCG TGCACTGGTA CTTCTGTAA TTGGTGAATT	8460
	TGGATACTGG TTATATTGAG CTGCACCGCA AGCAACTTCT ATTGATGGCC TAACTGCCTT	8520

55

	AGCAGAGAAT CCATTCCGTA ATAAAATTAC GTGGTTACAA ATTATTTTCAG GTTCTCTCTT	8640
	TGCATTTGGT GCTTTAACAT ATCTTATTTT AGCACAACT AATATGAATG GTTTAGCAAC	8700
5	TGGATTTATT CTTTCTCAAA CATCCGTTGT GCTTGCTACA TTAAGTGGTA TTTATTTCTT	8760
	AAAACAACAT AAAACGTCAA AAGAAATGGT TATTACAATC ATCGGCTTAG TACTCATTTT	8820
10	AGTAGCCGCT TCTGTTACAG TATTTATAAA ATAAGGAGTG TAGATGTCAT GAAAAAATCA	8880
	GCTGTTTTAA ATGAACATAT TTCAAAGCA ATCGCGACAA TTGGTCATTT TGATTATTAA	8940
	ACGATTAATG ACGCTGGCAT GCCAATTCCA AATGATCATC GTCGTATCGA CCTAGCTGTA	9000
15	ACTAAAACT TACCACGCTT TATTGATGTC TTAGCTACAG TGTTAGAAGA AATGGAAATC	9060
	CAAAAAATAT ACTTAGCAGA AGAAATAAAA GAACATAACC CTACACAATT GCAACAAATT	9120
	AAACAATTGA TTTCATCGGA AATCGAAATC ATTTTCATTC CTCACGAAGA AATGAAAAGT	9180
20	AACCTAGCTC ACCCATTAATA TAAAGGTAAT ATTGCTACTG GTGAAACAAC GCCCTACTCT	9240
	AATATTGCAT TAGAATCGAA TGTTACTTTT TAAAAGTTAT AACTTGAAAG GAGCGTACAC	9300
	ATGACCAACA AAGTTGTTAT TTTAGGTICA ACGAATGTCG ATCAATTTT AACAGTTGAA	9360
25	AGATATGCAC AACCAGGCGA AACATTACAT GTTGAAGAAG CACAAAAAGC ATTCGGCGGA	9420
	GGTAAAGGTG CCAACCAGGC TATTGCCACT GCACGCATGC AAGCAGACAC AACATTTATT	9480
30	ACTAAAATTG GCACTGATGG CGTTGCTGAT TTCATCTTAG AAGATTTTAA AGTAGCTCAT	9540
	ATTGATACAT CATATATTAT CAAAACAGCT GAAGCAAAAA CGGGCCAAGC CTTTATCACT	9600
	GTGAATGCAG AAGGACAAAA CACCATCTAT GTTTATGGTG GTGCGAATAT GACGATGACA	9660
35	CCTGAAGATG TTATTAACGC AAAAGACGCT ATAATCAATG CAGACTTTGT CGTGCACAA	9720
	TTAGAAGTAC CCATCCCGGC TATTATATCT GCATTTGAAA TTGCCAAGGC ACATGGTGTG	9780
	ACGACAGTAT TAAATCCTGC ACCAGCGAAA GCATTACCTA ATGAATTATT ATCATTAAATC	9840
40	GATATTATTG TGCCAAACGA AACAGAAGCC GAATTGTTAT CTGGGATTAA AGTAACTAAT	9900
	GAACAATCTA TGAAAGACAA TGCCAATTAC TTTTATCTA TAGGCATTAA GACTGTTTTG	9960
45	ATTACGCTAG GTAAGCAAGG TACATATTTT GCTACTAAAA ATCAAAGCCA ACACATCGAA	10020
	GCTTATAAAG TAAATGCGAT TGATACAAC TCTGCAGGCG ACACATTTAT TGGTGCAATT	10080
	GTCAGTCGCT TAAACAAGTC GCAAGATAAC TTAGCAGATG CTATTGATTT TGGTAATAAA	10140
50	GCGAGCTCAC TCACTGTACA AAAACACGGC GCGCAAGCAT CTATTCCTCT ACTAGAAGAA	10200
	GTAAATCAAG TTTAAATGAA TCAAACACAG CTATGATATG AAGGTTTAGC ATATAACATG	10260
55	CAACATTCGT ATATCATGGC TGTGCTTTTT TATCTTTATA AAACATCATC TATTAGAAAT	10320

TTTGTAATCT TTTTAACTTC CAAATTaTCG CATATAAATA TGCTATATTA ATGATAATAA 10440
 TTATCAATTA AAAGGAGGTT ATGCTATGTC TAAAGAAGCT GGTACATACAT TTTTAGCTAA 10500
 5 ATTAGGAAAA ACTCGTCTAC GCCCCGGTGG TAAAGAAGCA ACAGATTGGT TAATACAACA 10560
 AGGGGCATTT TCACAAGATA AACCAAGTGT AGAAGTGGCA TGTAATATGT GCACAACATC 10620
 TATTTATCTA GCTCATACAT ATGGCTGTCA CATTCAAGGC GTTGATATAA ATAAGAAAGC 10680
 10 ATTAGAAAAA GCACAGGAAA ACATTTTCAGC AGCAGGTCTT GAATCATATA TTCAAGTTCA 10740
 ACAAGCGAAT GCTGTTAAAT TGCCCTTTGA TGACAATCAA TTCGATATCG TTTTAAATGA 10800
 AGCAATGTTA ACAATGTTAC CCATCGCCAT AAAGGAAAAA GCATTACGCG AGTACTACCG 10860
 15 AGTCTTAAAG CCTGGGGGTA TCTTGTTAAC ACATGATATT GTCATCGTTA ATGAATCACA 10920
 TGCCACACAT GTTGTTAAAT CATTATCTGC AGCAATTAAT GTCAATGTCT CACCGCAGAC 10980
 20 GAAACTTGGC TGGTTAGATT TATATAATCA AGCTGGTTTT AATCATGTGC ATTATCATAC 11040
 TGGTCCAATG AGTTTAAATGA CACCAAAAGG TTTAATTTAT GACGAAGGTA TTGTTGGAAC 11100
 TATAAAGATT ATCAACAATG CTTTGAAAAA AGAAAATCGA CCAATGTTTT GTAAAATGTT 11160
 25 TAAAACGATG ACTAAATTGC GTAAAGATAT GAATTATATT ACTTTTGTCG CTAAAAAGA 11220
 GCACTAAATA TAATGCCACT AACTGTACTT TGTATCTATG TTTGACTATC ACTTTAATTT 11280
 CTTTGTGACA CTAATCATCT ACTTAACAAT ATCGTTATCG TTGATTAGTA AGTCATCAAT 11340
 30 TTTGGTTAAA GACTTTCATA AACACTCAAA CATTAACTACT ATACATAGTT AGTGGcATTA 11400
 TTTTTTyCTn AAAATTTTAA CmTCmCGGGr TtGGGAmCrG AAaTGrtAwT TcGCrmAAeT 11460
 35 TAwTcT 11466

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 445:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

40 (A) LENGTH: 2176 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 445:

45 TTACATAGTT AACACTAGTT AATCTATTAG TTAACATTAG TTAATAATTA GTTAATTTCC 60
 ATTTGTATTTC TCATGTGATA AATTCTAAAA GCATACaATA AATTTAATAT GTAAAAAGAA 120
 50 AGGGAATACA CATGAAAAAT AAATATATCT CGAAGTTGCT AGTTGGGGCA GCAACAATTA 180
 CGTTAGCTAC AATGATTTC AATGGGGAAG CAAAAGCGAG TGAAAACACG CAACAAACTT 240
 55

	AAGTATTACA TCTAAAAGGT ATCACAGAAG AACACGTAA CCAATACATC AAAACATTAC	360
	GCGAACACCC AGAACGTGCA CAAGAAGTAT TCTCTGAATC ACTTAAAGAC AGCAAGAnCC	420
5	CAGACCGACG TGTTCACAA CAAAACGCTT TTTACAATGT TCTTAAAAAT GATAACTTAA	480
	CTGAACAAGA AAAAAATAAT TACATTGCAC AAATTAAAGA AAACCCTGAT AGaAGCCAAC	540
	AAGTTTGGGT AGAATCAGTA CAATCTTCTA AAGCTAAAGA ACGTCAAAAT ATTGAAAATG	600
10	CGGATAAAGC AATTAAAGAT TTCCAAGATA ACAAAGCACC ACACGATAAA TCAGCAGCAT	660
	ATGAAGCTAA CTCAAAATTA CnTAAAGATT TACGTGATAA AAACAACCGC TTTGTAGAAA	720
15	AAGTTTCAAT TGAAAArGCA ATCGTTCGTC ATGATGAGCG TGTGAAATCA GCAAATGATG	780
	CAATCTCAAA ATTAAATGAA AAAGATTCAA TTGAAAACAG ACGTTTAGCA CAACGTGAAG	840
	TTAACAAAGC ACCTATGGAT GTAAAAGAGC ATTTACAGAA ACAATTAGAC GCATTAGTTG	900
20	CTCAAAAAGA TGCTGAAAAG AAAGTGGCGC CAAAAGTTGA GGCTCCTCAA ATTCAATCAC	960
	CACAAATTGA AAAACCTAAA GTAGAATCAC CAAAAGTTGA AGTCCCTCAA ATTCAATCAC	1020
	CAAAAGTTGA GGTTCCTCAA TCTAAATTAT TAGGTTACTA CCAATCATTAA AAAGATTCAAT	1080
25	TTAACTATGG TTACAAGTAT TTAACAGATA CTTATAAAAG CTATAAAGaa AAATATGATA	1140
	CAGCAAAGTA CTA CTACTATAAT ACGTACTATA AATACCAAGG TGCGATTGAT CAAACAGTAT	1200
	TAACAGTACT AGGTAGTGGT TCTAAATCTT ACATCCAACC ATTGAAAGTT GATGATAAAA	1260
30	ACGGCTACTT AGCTAAATCA TATGCACAAG TAAGAACTA TGTAAGTGA TCAATCAATA	1320
	CTGGTAAAGT ATTATATACT TTCTACCAA ACCCAACATT AGTAAAAACA GCTATTAAAG	1380
35	CTCAAGAAAC TGCATCATCA ATCAAAAATA CATTAAAGTAA TTTATTATCA TTCTGGAAAT	1440
	AATCAATCAA AAATATCTTC TCTAGTTTTA CATCATTTTT TAAATAATTT TCGTAACAAA	1500
	CCGTGATTAA AAAGAACCGT TGATTCTCAA TCGAATCTAC GGTTCTTTTT TCATTTTCCA	1560
40	TCAATTAAAT GCTTCTTCGC TATTIGTCAG CCCACTTTTT TACCTGCAAC TTGTTAAATA	1620
	ATCCTTACAT CGTTAACGAA TAGTTCATCA TTTAGTTGAA TCAGCTCAAC TTTATTAACT	1680
	TCATATTTTC ACAAATATT GCGCAATCCA TTCCTTTTCC ACTACAAGCA CCATAATTAA	1740
45	ACAACAATTC AATAAAATAA GACTTGCAAA GCATAGTTAT GTAGCTATAT AAACGCCTGC	1800
	GACCAATAAA TCTTTTAAAC ATAACATAAT GCAAAAACAT CATTTAACAA TGCTAAAAAT	1860
50	GTCTCTTCAA TACATGTTGA TAGTAATTAA CTTTAAACGA ACAGTTAATT CGAAAACGCT	1920
	TACAAATGGA TTATTATATA TATGAACTTA AAATTAAATA GAAAGAAAGT GATTCTATG	1980
	ATTAAAAAtA AAATATTAAC AGCAACTTTA GCAGTTGGTT TAATAGCCCC TTTAGCCAAT	2040

55

CmTyCAAArG AcACaGACAT TACTAGCCAA CGATTTAGCT ATnACTCCAA ACCTTCCATT 2160
 GGATTTGGTA AAGGnT 2176

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 446:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1557 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 446:

AAAAGCATGG CTTAAATGAA GTACGCTATA ACAAATTACA AGAACATGCT ATTGTTATGC 60
 ATCCGGCACC TGTGAATAGA GGAGTAGAAA TACAAAGCGA TTTAGTAGAA GCTTCAAAAT 120
 CAAGAATTTT TAAGCAAATG GAAATGGCG TTTACTTAAG AATGGCAGTC ATTGATGAAT 180
 TATTAAAATA GGTAAGGGGA CGAAATGAT GAAATTAATT AAAAACGGTA AAGTATTACA 240
 AAATGGCGAA TTACAACAAG CAGATATTTT AATTGATGGT AAGGTAATTA AACAAATTGC 300
 ACCTGCAATT GAACCAAGCA ATGGTGTGTA CATCATAGAT GCGAAAGGTC ACTTTGTGTC 360
 ACCTGGATTT GTCGATGTTT ATGTTCAATT ACGTGAACCT GGTGGTGAAT ATAAAGAGAC 420
 AATTGAACT GGTACTAAAG CTGCTGCTAG AGGCGGATTT ACAACTGTAT GTCCAATGCC 480
 TAACACAAGA CCGGTACCAG ATTCTGTAGA ACATTTTGAA GCTTTACAAA AATTAATCGA 540
 TGACAATGCT CAAGTACGTG TATTACCTTA TGCTTCAATT ACAACACGTC AATTAGGTAA 600
 AGAATTGGTT GATTTCCAG CACTAGTAAA AGAAGGTGCC TTTGCGTTTA CAGATGACGG 660
 TGTAGGAGTA CAAACTGCAA GCATGATGTA TGAAGGCATG ATTGAAGCTG CAAAAGTAAA 720
 CAAAGCCATC GTAGCACACT GTGAAGATAA TTCATTAATC TATGGTGGTG CAATGCATGA 780
 AGGGAAACGC AGTAAAGAGT TAGGTATACC AGGTATTCCA AACATTGTG AATCTGTTCA 840
 AATCGCAAGA GATGTACTAT TaGCTGAAGC AGCAGGTTGT CATTATCATG TATGTCATGT 900
 TTCTACTAAA GAAAGTGTTA GAGTCATTG TGACGCTAAA CGCGCAGGCA TTCATGTTAC 960
 AGCTGAAGTT ACACCACACC ATTTATTGTT AACAGAAGAT GATATTCCTG GTAATAATGC 1020
 CATTTATAAA ATGAATCCAC CATTGAGAAG TACTGAAGAT AGAGAGGCTT TGTTAGAAGG 1080
 GTTACTAGAC GGTACAATTG ACTGTATCGC AACAGAcCAT GCACCACATG CACGTGATGA 1140
 AAAAGCACAA CCAATGGAAA AAGCaCCATT CGGAATTGTT GGTAGTGAAA CAGCATTCCC 1200
 ATTATTATAT ACGCATTTTG TAAAAAATGG TGATTGGACA TTACAACAAT TAGTAGATTA 1260

TTATGCAGAT TTAACAATCA TTGATTTAGA TAGTGAACAA GAAATTAAAG GAGAAGATTT 1380
 CTTATCAAAA GCAGATAATA CACCATTTAT CGGCTATAAA GTTTATGGAA ATCCGATCTT 1440
 5 AACAAATGGTT GAAGGCGAAG TTAAATTTGa GGGGGATAaa TAATATGCAA gCAAACGTTA 1500
 TCTAGTGTTA GAAGACGGTC TTTTACGAGG CTACCGTTAG GTCTGATAAC TTAAGTGA 1557

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 447:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1799 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 447:

GCTAGAAATm TTGmATGaCA ATACAACCTCT GTTAAaATGA TGGACGTAGA CAAATATGCG 60
 TATTGACGCT TTATTTTAAa AATTaACATG CTTATAACAT GTTTATAGAA GGAGATTAAC 120
 CTATGAACATA TCaAGTTCTT TTATATTATA AATATATGAC GATTGATGAC CtGAACAGTT 180
 25 TGCTCAGGAT CACTTAGCCT TTTGTAAAGC ACACCATTa AAAGGTAGAA TTCTTGTTTC 240
 TACAGAAGGT ATTAACGGCA CATTATCTGG TACAAAAGAA GAAACCGAAC AATATATGGC 300
 ACATATGCAT GCCGATGAAC GATTCAAAGA TATGGTGTtT AAAATTGATG AAGCTGAAGG 360
 30 ACATGCTTTT AAGAAATGC ATGTACGTCC TCGAAAAGAA ATCGTTGCTT TAGATTTAGA 420
 AGATGACGTC GATCCAAGAC ACACAACCTGG CCAATATTa TCACCTGTAG AATTTAGAAA 480
 AGCTCTTGAA GATGATGACA CAGTCATTAT TGATGCACGT AATGATTATG AATTTGATTT 540
 35 AGGTCATTTT CGAGGTGCAA TTCGTCCAAa TATCACACGT TTTAGAGATT TGCCTGACTG 600
 GATTAAAGAG AATAAAGCGT TATTTGCAGA TAAAAAAGTG GTTACGTACT GTACTGGTGG 660
 CATTGATGTC GAAAAATTTT CTGGATGGCT TTTAAAGAA GGTTCGAAG ATGTAGCTCA 720
 40 ACTTCATGGC GGTATTGCTA CATATGGTAA AGATCCTGAA ACAAAGGTG AATATTGGA 780
 CGGTAAaATG TACGTATTTG ATGACCGTAT CAGTGTTGAT ATCAACCAAG TTGAAaATAC 840
 AATTATTGGT AAGGATTGGT TTGATGGCAA ACCATGTGAA CGTTATATTA ATTGCGCTAA 900
 45 CCCAGAATGT AATAAACAAA TATTAGTTTC TGAAGAAaAC GAAACTAAAT ATTTAGGTGC 960
 ATGCTCTTAT GAATGTGCTA AACATGAGCG TAATCGTTAT GTTCAAGCAA ATAATATTAG 1020
 50 TGATAATGAG TGGCAACAAC GTTTAACAAA CTTTGATGAT TTACATCAAC ATGCTTAGTT 1080
 TTAATTAAAT ACCTTTCAAA ACACGCTTTG AAAATCCGAT TTATAAAGGT TTTTCAAGGC 1140

TAAATTTTAA TACTGCGGGG TGTCTTAAAA TGCACATTTT AGTAACAGGG TTTGCGCCTT 1260
 TTGACAATCA AAATATCAAT CCTCATGGG AAGCTGTGAC TCAACTAGAA GATATTATTG 1320
 5 GCACACATAC AATCGATAAA TTAAAACTAC CAACCTCTTT TAAGAAAGTA GATAATATTA 1380
 TAAATAAAAC GTTGGCATCT AATCATTATG ATGTTGTACT AGCTATAGGA CAAGCTGGTG 1440
 GTAGAAATGC CATTACCCCA GAACGTGTCG CCATTAATAT TGATGATGCA CGTATTCCAG 1500
 10 ATAATGATGA TTTTCAACCT ATTGATCAAG CCATTCACCT AGACGGTGCG CCAGCTTATT 1560
 TTTCAAATTT ACCaGTTAA GCAATGACTC AAAGTATTAT TAATCAAGGA CTTCTGGAG 1620
 CACTTTCAA TAGCGCAGGT ACATTTGTTT GTAATCACAC ACTTTATcAC TTAGGTTATT 1680
 15 TACAAGATAA GCATTACCCT CACCTACGAT TCGGATTTAT TCaTGTGCCA TACATACCAG 1740
 AGCAGGTcAT TGGTAAACCC GATACACCAT CTCATGnCCA TTGAGGAAAA GATnAGTTG 1799

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 448:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1341 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 25 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 448:

30 ACTTGGTTTT TTATTGTTTA TAAATAAAAC TCACTTAATA ATGTTTTTCAT AATCTTCTTC 60
 GACTACTTAA TTCTTTAAGA TATTCGTGAA AAGAGACATT ACACTAGTTA ATTTTCAAAC 120
 AATACAAAAA GCGTCTACCT CCTACATATA ATTGTAGCGG AGATAGACGC TTAATATTTA 180
 35 TTTAAAAATT ATTTTAAACC ACCGAATGTC ATAACATCAC GGGCAATCAT ACTTTCTTCA 240
 TCTGTTGGAA TAACGACAAC TTAACTGGT GAATGAGGAT AGTTAATAAA TCCTTCTTTA 300
 CCACGTAGTA AGTTTTTCATT TTTCTTAGGA TCCCAGTAAA CACCCATAAA TTCTAAGCCT 360
 40 TCAAGAACTT TCGCACGAAT TTCTACTGAG TTTTCACCGA TACCTGCTGT AAATACGATA 420
 ACATCAACAC CATGCATTCT CGCAGCATAT GATCCAATAT ATTGTGAAT TTTAGAAGCA 480
 AATACATCTA AAGCCATTTG TGAACGTGCT TTACCTGATT CAGCTTCTTC TGATAAGTCA 540
 45 CGTAAATCAC TAGATGTACC TGATAATCCT AATAAACCTG ATTCTTTGTT TAAGATTTCC 600
 AATACTTGTT CAGCAGTTTT ACCTGTTTTT TCCATAATAA ATGGAATTAA AGCAGGGTCA 660
 50 ATATTACCAG AACGAGTACC CATTGTTACA CCAGCAAGTG GTGTGAAGCC aTTGATGTAT 720
 CAATAGATTT ACCGCCATCG ATAGCTGCAA TTGATGCTCC ATTACCAATG TGACATGAAA 780

TATGGCTTGT ACCATGGAAA CCATACTTAC GAATGCCATA ATCTTTATAA TAATGATATG 900
 GCAAGCTATA TAGATATGCT TTTTCAGGCA TTGTTTGATG GAATGCTGTA TCAAAAATTG 960
 5 CCACATGAGG GATATTTGGT AATAATTTAC GGAAAGCAGC AATACCCAtC AAGTTaGCTG 1020
 GGTGTGaAG CCGTGCTAAT TcGCTTAATT CTTCAATTTT CTTTCAACC TCATCAGTAA 1080
 TAGCTACTGA TTCAGGGAAT TTTTCACCAC CATGTACAAC ACGGTGACCT GTTCCATCGA 1140
 10 TATCGTTAAT ATCATTAAATA ATATTGTGCG CTTTAAAAGC ATCCAACATG ATATCAACTG 1200
 CCTCAACGTG ATCCTTGATA TCTTGACTG TTTTAACTTT TTCCCCGTG ACTTCAATTG 1260
 TAAAAATTGA ATCCTTCAAT CCGATTCTTT CTAATAAACC TTTTGTTACT AATTCCTCTT 1320
 15 CAGGCATTCT AATTAATTGA A 1341

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 449:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1529 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 449:

TTTTGAAGAT ACTACCGATG AAAATAGACA AAAGATTTTT CAATATTTAT CACCTGAaG 60
 30 AGTTGCAAAAT TTCTTTGATC AATTAGATAT TGATGACGAT GAATATGAGT TGCTATTTGA 120
 TAAGATGAAT GCGACATACG CAAGTCACAT ATTAGAAGAA ATGTCATACG ACAATGCAGT 180
 AGATATTTTA AATGAGTTGA CTAAACCAAA AGTTGCTAGT CTTTAAACAT TGATGAATAA 240
 35 AGATGACGCG AATGAAATCA AAGCATTACT TCACTATGAT GAGGATACGG CCGGCGGTAT 300
 TATGACGACG GA_gTATTTAT CACTTAAAGC GCATACGCCT GTTAAAGAAG CATTATTATT 360
 GGTCAAAGCG CAaGCACCAG ACGCAGAAAC AATATATGTT ATATTGTGCG TTGATGATGA 420
 40 TGGTAAATTA GTAGGTGTTT TATCGCTAAG AGATTTAATT GTAGCTGAAA ATGATGCTTA 480
 TATTGAAGAT ATTATGAATG AACGTGTCAT TAGTGTGAAT GTAGCAGACG ACCAAGAAGA 540
 45 TGTTGCTCAA GTTATGAGAG ACTATGATTT CATGGCTGTA CCTGTTATAG ATTACCAAGA 600
 ACATTTGCTT GGTATCATCA CGATTGATGA TATTTTAGAC GTTATGGATG AAGAGGCTAG 660
 TGAAGACTAC TCTCGTTTAG CCGGGGTATC AGATATCGAT TCGACTAATG ATTCAATCAT 720
 50 TAAAACAGCA TTAAACGTT TACCATGGTT GATTATTTTA ACATTTTATG GAATGATTAC 780
 TCGACAATT TTAGGGAGAT TCGAAAAAAC ATTAGAAAAT GTAGCGCTAC TCGCAGCGTT 840

TCGTAACAATT ACGAcAGGGG AAATTAATGA GCAAAGTAAA TTTAGAATTG CATTAAAGAGA 950
 AGCAGGAAGT GGTGTATTAT CGGGTGTGTG ATGTTCAACA ATATTATTTA CAATTATTGT 1020
 5 TGCAATATAT CATCAGCCAC TTTTAGCATT AATCGTTGCA GGAAGTTTAA CTTGTGCGAT 1080
 GACGGTGGGG ACGTTTGTAG GTTCGATGAT TCCATTATTG ATGAATAAAT TAAATATCGA 1140
 TCCAGCAGTG GCTAGTGGAC CATTTATTAC AACAAFTAAT GATATTATTA GTATGTTGAT 1200
 10 TTATTTTGGT TTAGCTACAT CATTTATGGC TTACTIONAATT TAAGGAGGAG TTATGGAGTT 1260
 TTTATCTTTA GTTATTGTTG TTTTAGCAGC GTTTTTAACT CCAATAATTG TCAATCGATT 1320
 AAATATTAAT TTCTTGCCAG TTGTTGTTGC AGAAATTTG ATGGGGATTG TGATTGGAAG 1380
 15 TTCATTTCTA AATATAGTAG AAAGGGATTC AATTCTAAAT ATTTTATCAA CGTTAGGCTT 1440
 TATCTTTTTA ATGTTTTTAA GTGGTTTAGA AATTGATTTT AAAGCTTTTA AAAAAGATAA 1500
 ACGCGCACGT CAAGGACAAA ATGATGATG 1529
 20

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 450:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

25 (A) LENGTH: 1827 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

30 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 450:

TTCTGGAAC CAAAGTATTG TCATCTTCTA CTAGTAGTAT nGGCATCCAT ATCACCCAAT 60
 ATCATTTAGT ATATTTTATA TTTTCTCCTG ATTTTAATCG ACTTTGAAAA TCTTTAATCC 120
 35 GGCAGTCAAC TTCAAAGCCA TGAATCATCA TTTTTTGCAT TGGTGCTTGT ATAAAGTAAT 180
 AAATCGGCCA AAATAATCGA GGGATATAAT CGTATAGATG TATATAAAG ACTGCCGACT 240
 CTTTGATTAA TCTAAATTCT AACTTCCCTT GATTAAGTGT ATATTTTTTC ACTAAACTTC 300
 40 CACTCAATAA AATTAAAGTT ATTATTCCAT CAGCTGTTTC TTCTATTTTA AATACTGCGA 360
 GCGGTGCGAC CTTATTCTTA ATATATATCT TAAATGATC ATGTGATTTT TCTGTTTTCA 420
 45 CAAAAGTTCC TTTAGTGTA CCATCCATG CAATAAAATG GTTTACAACG TTCTTTAATG 480
 TCCATCCCTT TGGTAAACT ACCTTCATCG TTGATCTAAC ATCATCATAC TTTGAAACTT 540
 GTAATTCTAC ATTAATAAA GAACGTTTAA AAATAAATT TGTGTTTCT ACAGGTGTAC 600
 50 CATATGCACC TAGGCGTTCA ATTGTTTCAT TATCATAACG ACTCCCAGGT ATGTAGATTA 660
 CTTTTTTTAC TTGATTGATA GCCGCTGCTC GACCAAAATT ATCTGCTGCG ATTAATGTTA 720

55

	CAGCAATATC TATTTGATTC ATTGCTGCAA CAACCTGTTC GTAATGAAAT ATATCACACT	840
	GAATCCAAGT CATTTCAACA TCATCTGTTT KTTTATTGTC TGGATATTTT GATATAGCAA	900
5	AAAGTTCAGC ATCATTTCAT ATCACTTCAC TTAAATACTT ACCAATATAT CCTGTTCCAC	960
	CTGCTAATAA AACTTTAGGT TTCATCTAAA ATACTCCTTT AAACGTGAAC CAAAAACAT	1020
	ATTACTCCAC CTTTGTAGTA CATATATATT ATAATAGTAG CAAATGTTTT AAAATTTCAA	1080
10	AATACTGGAG GCTTTTTATG GCCCATATTA TACGTAGAGT TAGTATCAA GATGTAGAAA	1140
	ATTTCAATTC AATGTTAGCG AACATATACG ACGAATCTCC GTATATGTTT TACACACCAG	1200
	GAGAATATGA TCCTAGCGTC ACATCGGCTA GTAAACAATT AGAAGAATAT ATCACTTCTC	1260
15	CGCATAAAGT CATCTTCGTT GCTGAAAGTG ATGAACAACT CGTTGGCTTT GCCTTTGTTA	1320
	ATACGACACC ATTTCAACGC ATTAAACATG TTGCTAAAAT TGATTTAGGT GTAAAGAAAT	1380
20	TATATCAACA TCGTGGAATT GGCCAAGCAC TTCTTGATGC CATTATGGCT TGGTGTTTAA	1440
	ACAATCAAAT ACACCGAATT GAAGCAAATG TACCACTCAA TAACCAACCT GCCCTCGAGC	1500
	TTTTTAAAG TGCCGATTTT CAAATCGAAG GCGTTTTAAA AGATAAGTTA TTTATCGATG	1560
25	GTAAATATTA TGATGACTAT ATGATGGCTA AAATCTTAA TTAAAGCTAT TTTATCATAA	1620
	TCTTGATCA GAATCGTATA ACAACGAATT TAATGGTTAC CTAATACATT ACTCATACTT	1680
	ATCAATGTTA TCTAATCTCA AATAAATACG TACACTCTTA TTCATTTATC AAATTTAAAT	1740
30	TCAAAATANA ACACCACTAA TGTGTAATTG ATTAACATC AACTACGATT AGTGGTGCTT	1800
	TATATATGTG GTTAGTTTTT CTTACTA	1827

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 451:

35	(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
	(A) LENGTH: 616 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
40	(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 451:

45	ATATAGATTA ATGTTTGTTA TTTGTACTGT GTTGCCAGT GACATTTATT ATAAAACATA	60
	TGACGTTATT CTATGKTGTA CTCATTCTCT ATATTGTAGG TTTATTAACG ATTAGAAGTA	120
	TTATTAAAAA GTTGAAATAT CAGGAAACAT TATTACGAGA CTAAAAAACT TCCATTGGCA	180
50	TGTATGTTGT AAAGGTGCAT GTAATGTTGA ACGCCAAATG ATACGGCGTT CAGATTACAT	240
	TAGCATCTAT ACGTTAACAG CATAACCAAT GGAAGTTTTT TCGAATCTA TTCTTTTATT	300

55

AATGCGTCTT TTGAAAAATG GTCATTAAAG GCATCAGATT GCTTAAAGTC TTCGTATGCA 420
 TGTCGATCAG CAAATCCGAA ATAAATTTTG TATGTTGTAC CTTTAGCAGG TCTTAACAAA 480
 5 CGATAGCTTT TAAAGCCACC AAAGTTTCTG AAATTATCGT CTACACTAAT CAGTTTCTTT 540
 TCAAGTTGAT ATGCATGATC TTCTGTTGAT GGaATGAaG TTGCACaATA GAAATGaTGT 600
 TCACtGAATT CACCAA 616

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 452:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 944 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 15 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 452:

GCACGAGTGA TTAAACGGTT AATCAATGAA ACATTGTATG CAAATTACAT TGAAGTTATT 60
 GAGGGAGGAA TTGAAGAAAC GCAAACGTTA ATTCACTTAC CTTTGTACTA TGTCTTCTTT 120
 25 ACAGGAAGTG nAAATGTAGG CAAAATCGTT TATCAAGCTG CCAGCGAAAA TTTAGTTCCT 180
 GTGACATTAG AAATGGGcG TAAAtCTCCa GTCaTCGtG ATGAAACAGC GAATATTAAA 240
 gTTGCTAGTG AGCGCATTTG TTTTGGGAAA TTCACTAATG CCgGCCaAAC ATGTGTTGCa 300
 30 CCAGATTACA TTTTAGTACA CGAATCTGTA AAAGATGATT TAATCACAGC CCTATCAAAA 360
 ACGTTGCGTG AATTTTATGG TCAAAATATA CAACAAAGTC CAGATTATGG CCGCATTGTA 420
 AACCTTAAAC ATTATCATCG TCTGACTTCA TTACTIONAACA GTGCACAAAT GAATATTGTA 480
 35 TTTGGTGGTC ATAGTGATGA GGATGAACGT TATATAGAAC CAACATTGTT AGATCACGTT 540
 ACAAGTGATT CAGCAATTAT GCAAGAAGAA ATTTTGGTC CTATCTTACC GATTTTAACG 600
 TATCAGTCAT TGGATGAAGC AATAGCCTTT ATTCACCAA GACCAAACC TTTGAGTTTA 660
 40 TATTTATTTA GCGAAGATGA AAATGCTACA CAACGTGTAA TAAACGAGCT ATCATTGGC 720
 GGCGGCGCTA TTAATGATAC ATTGATGCAC CTAGCGAATC CTAAATTACC ATTTGGTGGT 780
 45 GTTGGTGCCT CAGGTATGGG ACGCTATCAT GTTAAATATT CATTGACAC TTTTACACAT 840
 GAAAAAGCT ACATTTTCAA ATChACACGA TTAGAATCAG GTGTCCATT ACCACCATAT 900
 AAAGGTAAAT TTAAATrCAT CAAACCTTtC tTTAAAnATT AATT 944

50 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 453:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 4820 base pairs

(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 453:

	TCTCCAGTAG ACCTTGTGTA TGAACAGTTT CTTTCATATG AATGAACATC GTTTTTAAAG	60
10	TTTGTTCAC CTCAGCCTTA TCAGGATAAT ATCTAGAGAC AGTCGTCTCT GGCATCTCCA	120
	TTGTATGATA TTAAACCTTA TGCAGCGACC CATGATTTTC GTTATAAACA AATGTATGAT	180
	TCACTTCATC GAAATCATGA TCTTCTCCTG CAATCCAAA AACTGGTACT ACTTGTGCT	240
15	TATGTGTATC CGTTAATTCC TTAGATAAAG TAATGATTGa AAATATTTTA TGGAATGTAT	300
	ACAATGGTCC CCCGAAAAGC CCTGCTTGTT GTCCACCAAT CACAACTTT GAACCATTAG	360
	CTAAATGTTG TATGTTTAAT TCTTGTTTCA TTTGAAAGCTT GAAAGCTTTA AATCACTCAT	420
20	ATATTCACGA ATAACATTCC CTAATGCCGC TTCTCTTCCA TTATTTTCTT TAGACATCCT	480
	TTTTTCAAAA CTAGTTTGTT GAGCTGCATC ATATTGAAAT AATCCTGTTA TTACAGGGTC	540
	ACTGCTCTTT ATTTTGGTA TAACTGATC TTTTCATTT AAACCTAATA CTTTACAGTC	600
25	CATGTTTTTT CTCCTTAAGT ACGCGATTAC AAATATAGT ATAAAGTCTA TACCGGTGAT	660
	TGACAATTTT ACGGCTTGAA AATCAATTTA ATCATGGAAT ATTTATAATA TTCATTGTTT	720
30	TACATTTTCA AATCAATGAA AAACACAAGT GGTTTAATGT ATAATAATAG TAGTAAACAA	780
	ATAAGGGGTA GATAAATATG AGTGAAATCA AACGTCTTGA AATTAATTAC AAAACTGACC	840
	AATTATTCGA AAACCTTAGA GCGTTTGCCA ACAAAGACTT ATACATGGTC AATGAGTTAA	900
35	ACGGTCAAAT GATTGATGCA AGTTCAGATT CACCATTTTA TGGCATATTT GTCGaGATCA	960
	ATTAGGAGCT AGAATGGCAT TACTAAAAAA AGGTGATGTC GAAGAAATCT ACTTCCCAGA	1020
	TTTTGAAGAT TATATATTAT TATGGAAGTT AGAAGTATTA CCAAATATC AAAACAGAGG	1080
40	GTACGCTTCA GAATTGATTG ATTTTGCAAA GAGTTTCAAT ATGCCAATTA AAGCCATTGG	1140
	CAGAAATGAT TCTAAGGATT TCTTTTTACA TCATGGATTT ACAGATGTGG AAGCTAAAAA	1200
	TATAGAGGGA CATGATGTCT TATTGTGGAA ACCATAAGAT AATAATATTC GACACTACGA	1260
45	GCATGAAAAT GCATCTTTTC GTAGTGCTCT TTTTACAATT ACTTTCTTAA GCTAATATAA	1320
	GTaAATCATT TTCAAATTAT TTGTCTTAAC GTACAATATC ATTTAGTTGT TTCCATGrAT	1380
	TAATTTTATA ATCAGGTATA ATTCCTGGAT TATGATCAAA TCCTCTAAAa TTAAACCAGC	1440
50	AAGTAGCTAT ACCcGCATTG ATTCCACCTA GAATGTCAGA TGTTAnAGAA TCTCCaACTA	1500
	TAATCGAGTG CTGcCTTTCA TCCTCACCAA TATCATTAaA AACATAATTA AAAAAATCCG	1560

55

EP 0 786 519 A2

	ACGGCGTCTG ATTTAACCTT CTCTTTTGCg TTTCGGTTAC ACCATTAGTA ACAATATATA	1680
	AATCATGTCT TTTCGATAAT TCGACAATTG TTTCTAATGT TTGATCAAAG TATTTAACTT	1740
5	TAGCTTCTGC TAATCCATTT CTAAATAACA CATCTGCACG ATGCCCATCA ACTTCCATTT	1800
	GATGATGTTT GAAGTAATTC ACAAATCGTT CTGATAATAC TTCAGACTTC GkTAATTTAT	1860
	TTTGkTGAAA AGCTTCCCAA TGTGGTGaT TGaTTTTTTTT AAATGkTAAA AAATCATCCy	1920
10	TTGTTGCTTT ATGATTAAAA ACATTGCGCA TATAGTGAAn CGCCCATTCt TCTGcATCAT	1980
	AAAAATCAAC AATTGTATCA TCAAAGTCTA TCAAAATATT TTTATATCCC AATTTCCCCA	2040
	TCTCCTATAT TGTCTATGTA TCTAAATCTT AACAGAGGCT CAAATTTCTG CAAATAAAAT	2100
15	AAACTGAGTG CATAACATTA AAGTATGCTC ACCCAGTTTA TTTTAAAGAA TATTAGTTAT	2160
	TATATTAGAA TCCAAATAAT TTACCTAGTA AACCCACACC GTTAGCAACG ATGTCTACGA	2220
20	TACTTG TGCC TAATTT CACA CTATCATGTT GTTGTGCAGC TTGCACAGTA TTTGCGATTG	2280
	CTTCTGCTAG TCCAGTCATT TAAATCTCTC CCTCACCTTT GAAATAATAC TGATTACTTA	2340
	CATAACATAT TGAAATTAGA ATCCGAATAA TTTACCTAAT AAACCTACGC CATTTTCAAC	2400
25	GATGCTCACA ATGCTTGTGC CTAATTTTGC GCCATCAITa TTAATTGCTG CAGTTACGGT	2460
	ATCTTTAATT GCGTTAAATA AACCTTCCAT TGAAAACACT CCTTAAaATT TAAATTTGAA	2520
	GATAACAAAA ACGTGCGTag yTTTTAAATC ACCGAAATGT TATTCGCTTA ACGTTTTGTT	2580
30	GTTGTTATTT TAAaATAAAT TTGATGCAAT TAGTTTGTtT ATCCGCACAA CATCTTATAA	2640
	TGTACTTAAC TGTATTTTAA AGAGAAAAGA AATACAGTTA GGCATTCAAA ACTGTATTTA	2700
	ACACAATTAA GTTGCTGAA TTCGTATTTA AGTCTTATTG AACCTTTTta GATAAATAGC	2760
35	TCTATAATAG TGAAAAATAT AAACATTTTT TATTTACAAG GTATTGCTAA TTTAAGTTCA	2820
	TTTAGATATA ATAATTCTTG TGTGTtTAAA CGTGTcCTGG TAGCTCAGCT GGATAGAGCA	2880
	ATGGCCTTCT AAGCCATCGG TCGGGGGTTC GAATCCCTCC CAGGACGTTT ATAGGTATTT	2940
40	TTATACGCAT TACCAaACAA AAGAGTTCCG TGATTACGGG GCTCTTTTtG TTTTGAATTT	3000
	CAGTAATATA GTATGATGCG TCACCAaAAC GTCCCCGCA TAAGCCCCGA AAATACAGTA	3060
45	ATTAAaACAA GCATGCTTAT TCGTTATAGA ATTTTTTGAC ACACAATTGA CACGCGTCTG	3120
	ACACTTGTTT ATACATTTTT AATTAAGTAA TTTTGTGCTC AAATTTcATC TATACTGCAC	3180
	CTGAActACA CCAActAC ACCAAGATTT TTAActCA CCATTTGCAT GCGTAGAGAT	3240
50	TTTTATTATT ATATTATTCC TATAGATTTT GATACTATTC AAAATTTTAG GGACTTTTCA	3300
	GGGGCCCGAA ATCCTATAAT TATAATTATA TACATCTAAA AAAAATAACC ACGTCCATCG	3360

55

5 ATACTATTGG CAAATTATA AAGTAGTTCA GCGTTTTTCA ATGACATATT GTCTAATGAT 3480
 CTTTCATTTT TTCTCATTTCT GTGTATTGTG CTTTGTGGAA CTCCTGTTTG TTTCGATATA 3540
 10 TGTAAGTGC TCAATCACT GTCTAATAGT TTTTGAATTT GATTTCTCAT TTTGTACACC 3600
 CCCTTGTAAG TCTTCAATCA TCATTAAAT TAAATAATTA CTTTTCCACA TATTCCAATA 3660
 TTTAGTTGTC AAAGCATACC TCAATATCA TTAATTTTGA GATTAAATG TCAATTATGT 3720
 15 GTCTATCAAT CCAATATACA TACTCTAATA ACGTAATAGT ACACACTCTT CTTATTAAAT 3780
 GGCCATAGCT ATCATGATAT AATTAGTGAA GAAATCACA TAAGAAAGGT TGTAAATCAT 3840
 GAGACTTCAA AAAGCACCTC TAGTAACGTC AGGACTAGTC TTAGGATTAT TAGGCCTGGG 3900
 20 TAATCTATTA AAAGACTTAT CTCTTACTTT AAACGCTGTT TGCAGGAATCT TTGCTTTCTT 3960
 GATTTGGATT CACCTTTTAT GTACTATGAT CAAATATTTT AATAATGTGA AAGAACAATT 4020
 AAACAGTCCT CTAGTTTCAT CAGTGTTTAC AACATTTTTC ATGTCTGGCT TTTTAGGTAC 4080
 TACTTATTTA AATACATTTT TTAGTAACAT AACTTTTATC AATAGCTTAA TAACGCCTAT 4140
 TTGGATTTTA TGCCTGTGG GAATTATGAC GCATATGATT ATTTTTTCAA TAAAATATTT 4200
 25 AAAAGATTTT TCACTTGAAA ATGTTTATCC TTCGTGGACT GTACTTTTFA TTGGTATTGn 4260
 TATCGCAGGA TTGACGGCAC CCGTTAGCGG ATATTTTTTC ATAGGTCAAT TAACAGTAAT 4320
 ATATGGCTTT GTAGCTACTT GTATTGTCTT ACCTATAGTT TTCAAGCGAT TAAAAGCATT 4380
 30 TCCATTGCAG ACGTCAATCA AACCGAACAC ATCGACAATT TGTGCACCAT TTTCTTTAGy 4440
 CGCTGCAGCA TATGTTATAG CTTTTCTTAA GCGAATGCT TTTATCGTAA TTATATTTTT 4500
 ACTATTAGCT CAAATATTTT ATTTTTATAT CATTATACAA TTGCCTAAAT TACTAAAAGA 4560
 35 ACCTTTTTTCG CCCGTATTTT CAGCTTTCAC ATTCCCTTTA GTAATCTCAG CAACTGCTTT 4620
 AAAGAACAGT TTGCCTGTAC TTATGTkTCC AGACATTtGG AAAGGkCTTT TGTTTATCGA 4680
 AGTGTATTATA GCCACTGTAA TAGTACTTAG AGTCTTTATA GGATATCTTC ACTTCTTTTT 4740
 40 AAAAAAGGAA AAACAAGATA AATTTCTnCG TAATGCGTCT CAGTAACACT ATTACCAAGA 4800
 ATTAACACGT ATATTTAATA 4820

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 454:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 4358 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

ATTTGGATCT TTAATATCAC CAATATTTTT AATATCTTCC GGATTCAATC CATATACTTG 60

TACTGTATCT GAGTATTAA TTGTGAAATA ATCACCTGAT TTAACCTTGT CATCAACTGT 120

5 AATTTGTGAT TTAAATGATA AATAATCTTG GGCTGGTACG ATTTTATGT TTTTATCTGC 180

ATCAACGACA GTtAATGTTG TATTTGATGT GATTAAATCA TTAACATTTT TAGCCTCTGT 240

TGATGATGGC TGTACTGCTG CTATACGCAT TCTTGATTC AAACGTTTAG GTGCTGTACT 300

TTTTGGCAAA ATGATATCTG CATTATTTTC ATTATTGAA TTAATATTGT TATCAACAAG 360

AGTTTCATCA TTAATCTTGA TAGCATCACT TTTAACATTT AATGTAGTTG ATTCAGTTTT 420

GGCATCTACC TTTTGTGTTT CCTCATTAGT TGGTGAACA TTTACCACTG ATTTATTCTC 480

TTGCAAATCA GGTGTGAACG CTTCTTGATT ACTTATAGTT TGTTTAGTGT TTAAATCTTC 540

ATTCGTAGAT TTTGGTGAAG CTTGCTCATC TGATTGGCA GTTGAACTT CAACCTTATT 600

TCCAGTGGTA GATTGTACAC TTTCTTTTTC TATTAATTTA TTCCCATTTG AAGTCGTTTC 660

ATTACCTTGA GATGATACCA TTTCTTTTTC ATTATCATTT TTAGTATTGT CTTCTTGATT 720

TAGTTGCTGC ATATCAACTT TATCACTCGA TTGATTATCA CTTGCTGAAG TTGTCGCTcG 780

TTCAATCTT TATTAGTACT TTCTGCAGCC TTTGCTTCTT GGTTCCCCAG ACCAAAAATT 840

AATGTTGTAC CTACTAAAAT TGATGCTGTT CCCACTGTGT ACTTTCTAAT CGAAAATTTA 900

TTTAATCGAT TGGATACCAT GCCTTTCCTT GTTATTGCCG TTTTATTTTC TCTGTTTAGC 960

ATTAGATTAC TCCTAATTCA TCAAATTTTT AAATAATACA ATTGTTTTAA ATACAAAAAT 1020

GTATATCAAT ATAGTATTAC ATTTTATAGT AAAGCACAAT ACTTTAATTA TTTTCTTTA 1080

TCGTAAAACG TTATTTAACA TTGTGTGTTA AATAAAAGTT TTTATGAGTt TTGTAATCTT 1140

TATTTAATCA TCATAAAAAA TAGTATTATT TGCCCTTGAA ATTAATATCT TAGCTTTTCT 1200

AATTCATAGA CAATTACATT TCTGTAAACA ATTAAATTGT ATCTATTCCT TAAAGATTTT 1260

TTGTTTTATA TCTGGGAATT TCTAAACAGA AAAAACCAGG CCACATGGAC CTGGTTAAGT 1320

TAATCATATT ATTTATTTTG TTTTTTACGA CGACCGAATA ACAATAATGA TCCTAATGCC 1380

GCGAATAATC CACCGAATAA TGTGCCATTA TTTGAATTAT TATTTTCACT ACCTGTTTCT 1440

GGTAATGCTT TAGCTGTTTT ATGCTGATCT TTAACCGTAC TCATTGGTTT AGCCGAGTA 1500

TGTTTACCTG CATCTGAATC TGAATCGCTA TCTGAATCTG AGTCGTTGTC TGAGTCCGAA 1560

TCGCTATCTG AATCTGAGTC GCTGTCTGAA TCTGAATCGC TATCCGAGTC TGAGTCGCTA 1620

TCTGAGTCTG AGTCGCTATC TGAATCTGAA TCGCTGTCTG AGTCTGAATC GCTATCTGAG 1680

TCTGAATCGC TGTCCGAATC TGAGTCGCTA TCTGAATCTG AATCGCTATC TGAATCTGAG 1740

	TCTGAATCTG AGTCGCTGTC TGAATCTGAA TCACTGTCTG AGTCTGAGTC GCTGTCTGAG	1860
	TCTGAATCGC TGTCAGAATC TGAGTCGCTA TCTGAGTCTG AATCTGAATC ACTGTCTGAG	1920
5	TCCGAATCGC TATCTGAATC TGAATCGCTA TCTGAGTCTG AGTCGCTATC CGAATCTGAG	1980
	TCGCTATCTG AGTCTGAGTC GCTATCCGAG TCTGAATCGC TGTCTGAGTC TGAGTCGCTG	2040
10	TCTGAATCTG AATCGCTATC TGAGTCTGAG TCGCTGTCTG AATCGCTGTC TGAATCTGAG	2100
	TCGCTATCTG AATCTGAGTC GCTATCTGAG TCTGAATCGC TGTCAGAATC TGAGTCGCTA	2160
	TCTGATGTTT CTCTTCGTA GTAGCCATTA TCAAGTGTGA AATCATCATG ATCCGTAATT	2220
15	GTTACATCAA CTTCGCCACC ATCGGCATCT TTATCATCTT CAGTTGTATT TGTACCTGTT	2280
	TGAGTTAAGC CAGCAGGTTT TTCAAAGATA ACTTTGTATT TACCACTATC TAAATTATCA	2340
	AAGCGGTATT TACCATTTTC ATCTGTYTCA GTTGTTACCA TTA CTTCGCC TTTTTCGTTT	2400
20	TGCAAAGTAA CTTTAACACC TTTAATTCCT TTTTCAGTCG AATCTTGTTT ACCATCTTTA	2460
	TTACTGTCGT ACCAAACATA ATCACCTAAA CTATATTTTG GTGTTTTGTA GAATCCACTA	2520
	TCTAATGTCA TGTGTGTCAGC GTCTTTAATG ACACCTGTTG TAGTTAGTCC ATCAGAATCT	2580
25	ACAGCATCAT CTGTACCTAC ATTTGCAGTT GTCGGTGTAT AACCGGCTGG TGTGAAAAC	2640
	TCTACACTAT AAGTTCCATT GCTTAAACCA GTGAACTGAT ATTTACCATT TTCATCTGTT	2700
30	GTCGTACGAT CTAATTCCTT ACCGTTACTA TCTTTAAGAA TGACATAAAC ACCTTTAATC	2760
	CCTTTTTCAT TGGCATCTTG TTTACCATCT TTATTTGTAT CTTC CCATAC ATAGTCACCT	2820
	AGATTATATT TCTTTTGGTC GCCATTAGCA GTTGATGAGC CATTCACATT TGAATAACTA	2880
35	TTTGACCAAC TATATTTAGT TTTGTCAGTG TCTAAAGTAT AATCAATTTT TCCATTATCT	2940
	GTTGAACTAT TATCTGGATA AGCAACTTGT TGAATGATGT ATTGTTTATT GCTGCTTGTT	3000
	TGGCCTTTCA TTAAATCGAC TG TAGCTGTT TTATTATCAT TACTATAAAT AACATCGAAT	3060
40	TGATCAGTAA CATCTTTAAG TTTTGAAGTA TCAGGGGTGA AACTATCCAC AAATTGATTT	3120
	TGATCTGTCA CTTCGTAAAT TTTGAAGTTT TTTGCATTTG GATTAAATTT ATATCCAGTT	3180
	AAATTAGTAA CAAACGTTTG TTTAGTATAT GTATTTT TAG GTTGATTAC ATATGCAGTC	3240
45	ATATTACGCG ATAAATCTTC ATTGTTAATA TAGTTGTAC TTGAAATAAG CGGTTGTGCT	3300
	TTTTTATTAC CATAATCGAC AATGATTTCT TCGCTATATG TATCATTACC TAAAGTTACT	3360
	TCCATTTTAT AAGCTGTTTT ATCAGTTGTT GCATTTTAC GTTTCGCAA TGCAACTTGT	3420
50	TCAAAGCTAC CTCTAACATT TGTATATTGA TCTACATAGT TCGTAAAAGT ATATGTTGTT	3480
	GTGTTTGTG TACTATCATA AATACCTTTT GCAATAATAT TACCTGGGC ATTATATAAA	3540
55		

GTAAATGTAT CGCCCTCTTT AACAGAATCA TCGATTGTGT AATTTGCTTT TAATTTTAAA 3660
 ACATCACTTG AAGTTGCCCA AAATTCAGTT TTACCAGTAG TCTGATTAAAC ATGTCCTTTA 3720
 5 TCAATCGCAA TGTCAATATT TGAAAAATGT ACTTTATCAT TAACATTTGT TCCTTGTTGT 3780
 GGAGCTGCAA CAGTATTCAC TGCCATGCGA TTTAAAGTTC TTGGTTTAAT AGTCGTTGTT 3840
 TTAGGTGTAG TTGAAACATC TTTTGCTTGT GTTAAATTAC TTTTATCAGT TTCATTACTA 3900
 10 TATGTAGTTG ATGATTTATC ATTTGTTGTT ACATTGCTAG TTTTGTAGT AGATTGATTA 3960
 GCTGTAGCGT TTTGTGGTGA TTGCATGTTA CTAAGTCTTT CTTTAACTGT TGCACATCA 4020
 CTCATTGTCA CTTTAGGCTG ATCTGCAGTT GCAGTTTGC GATTGTCTTT TAGTTGACGA 4080
 15 CTATCAACTT TTTTAGTTGT TTTATTCTCA CTGGGGCTG TCGTTTCATT TTTTGATTGA 4140
 TTTAATTCTC CATTCGTATG TTCTGCCGCT TTAGCTTCAT GACCACTTAA CCCAAAAATC 4200
 20 AATGTTGTCC CTACTAAAT TGAAGCAGTA CCTACAGAAT ACTTTCTTAT CGAAAAATTTG 4260
 TTTAATCGAT TTGGTATCAT GCCTTTTCTA TTTGTGCTG TCTTTTATA ATTCATTTAA 4320
 TAATACTCCT TAAAAATATC AAAATTTGAT AAATATAA 4358

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 455:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1060 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 455:

TTGACTTCTT AATTCAGCAT TTTCTGCACT TAATGCTTTG TTCTTTTAA TAAGTTGCTT 60
 TCTTGATAA ACTTCGGTAT CTATTTTACT ATTACTATAC CTTTGATTAA AACTAATAT 120
 40 ACCAATTAAT GCTACAATGA TAATGATAAG TACAACATAA AAAGACATTT TTCACCAAT 180
 CCTTTTGGAC TTCTTTAACT TTGTATACAA TAATAATTAA TAAAGATTAA TTGTTATTCA 240
 ATTTCCACA TTTTATTAG TTGATTTTAG TTCATCATTG TTATAATCAA ATTATAAACT 300
 45 GACAGATATT GATGTTCAAT GAATATGACG TGAAAGATTG GTGAATTCAA GTTTATGTCG 360
 AATTTATGTT ATAACGGTCA TTAAATGAC AGAATTAGGT CACTCATAGT ATTTTGAAGA 420
 TTGAATTCAT TAATTTTAA ATGTATAATG ATATTTGTGA AAGCGCTTGC TTAGGAGGTG 480
 50 TATTTGAGAG TGAATGAAAT GAATGCTAAA GAACAATTAG TGGACAATTT AATGAAAACA 540
 TCATCGCAAT TATTTAAATT TCACGGTGAA GTTGCCATGC AGCTTTTCTT AAATGATGAA 600

AAAGTTATTC CGCAATCATA TGC GTTACTA TACATAGATA AGCAAGATCA AGCAATAGCT 720
 AAAGAAGATT TATCACTTTC AAAAATTGCA AAAGTTTATG TGCAATATGA TGATACAACA 780
 5 ATAATGAGTA TTTTCGTTTA TGATGTAGTA AACGATGAAT GGATTTTATG ATTGGATCCG 840
 AATATACGTA TACCTAAGAG TAACATATAC TTCCATAGTT TAAATTGGGA TGTGGATATA 900
 TTAAACCGGA GtCGTCTAAT GTATGTCTAA TGCaCACCAT CAGaTCATCA TtATCCATTA 960
 10 TAACGrGCAT AGTGCATAAn yACTwCAcTT TaTTaaATTG AGaGGgGCAC GATAGGTGCA 1020
 TCAGGACATA ATATAGGAAG CATCAACGCG TGAnCAGGTC 1060

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 456:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1262 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 456:

25 ATAATnACTA AATACnAAAG TTAACTGTC TTAATAATAA TGA CTATGTT ATAATTTTAA 60
 AAGTGATATT TTGGGTAA TC GCTATATTAT ATAGAGGAAA GTCCATGCTC ACACAGTCTG 120
 AGATGATTGT AGTGTTTCGTG CTTGATGAAA CAATAAATCA AGGCATTAAT TTGACGGCAA 180
 30 TGAAATATCC TAAGTCTTTC GATATGGATA GAGTAATTG AAAGTGCCAC AGTGACGTAG 240
 CTTTTATAGA AATATAAAAG GTGGAACGCG GTAAACCCCT CGAGTGAGCA ATCCAAATTT 300
 GGTAGGAGCA CTTGTTTAA C GGAATTCAAC GTATAAACGA GACACACTTC GCGAAATGAA 360
 35 GTGGTGTAGA CAGATGGTTA TCACCTGAGT ACCAGTGTGA CTAGTGCACG TGATGAGTAC 420
 GATGGAACAG AACATGGCTT ATAGAAATAT CACTACTAGT TTAGCTCTCC TAGATGATGG 480
 AGAGCTTTTT TCATGAAAAG AACACTTAAA ATTAACGCCy TGTCTTGaTA tAATGACaCT 540
 40 GCcTTGTTTT AAAATAGTAA GCGGATGCgT TAATGTATCA GCGATTAAAT TTGTTGGAAA 600
 TGTATAAAAA ACACAAGCTA AGAATAAAAT ACCTGTATAA AAGGAGAATC ATATATGTTT 660
 45 CAATTACTTG CAGTTTGTCC GATGGGATTA GAAGCTGTTG TTGCTAGGGA AATTCAAGAA 720
 TTAGGCTATG AAACAAATGT TGAAAATGGT CGTATATTTT TTGAaGGAGA CGCAAGTGCA 780
 ATTGTAAAGG CAAATTTATG GTTGCGCACA GCAGACCGAA TCAAAaTTGT TGTGACGT 840
 50 TTTAACGCAA CAACGTTTGA CGAATTATTC GAACAAACCA AAGCGCTCCC TTGGGAATCT 900
 ATAATTGATA AAGAGGGTAA CTTCCCACTT CAAGGTAGAA GCGTTAAATC AACACTACAT 960

TATAACGAAA AAGGTTGGTT AAATGAATCA GGTGCCAAAT ACCCTGTTGA AGTTGCCATT 1080
 TTAAAAGATA ATGTATTATT GACTATCGAC ACATCAGGTT CTGGTTTGAA CAGACGTGGT 1140
 5 TATAGATTAG CACAAGGTGA AGCACCAATT AAAGAAACGT TGGCAGCAAG TTTAATCCGT 1200
 CTTGCCAAAC TGGGAAAGGT GATTACACCT TTnAATTGGT CCCATTGCG GTTCnGGTTA 1260
 CA 1262

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 457:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1142 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 15 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 457:

CCTGGCTGCT TTATCAGCAT CTACTACTTT AAAACCGAAT ACGGATAAGA GTTCTGATAC 60
 TGTTGATTTT CTGAGGCGA TTCCACCTGT TAGACCAATA ACTTTCGGCA TAATTTCACT 120
 25 CTTTCTTTAT TTTTGACATA CTGGACAATA ATGACTATTT CTTGTCGCGA TGATTTTGT 180
 TTCAATTTGA CTTCACACA CTTGCATAC CGGCTGCTTA TATACATTAA GATGCAATTG 240
 CATCTACCA GTTTTTCCAT CAGCATGACG ATAATCTGAA ATACTTGAC CGCCATATTT 300
 30 AATACCTTCT TCTAGTACTT CTCTAACATA ATAAAAACC ATTTCTTGTT GTTGGTGTGT 360
 TAAGTCTTTT ACTTTTTTAT CTGGTAAAC ACCTGCACGA AACAACGCTT CACATGCGTA 420
 AATATTTCCA CAACCTGCGA TTACTTTATG ATCCAAAATC ACTTGTTTGA TTGGTTTATT 480
 35 CTTATTAGAC TGTGATGAA TTCGATTTAA ATAATACGTC AATGCTTCAT TTGAAAAAGG 540
 TTCAGGCGCT ATTTCTAAAA ATGAAGGATA AGATGCTACA GACGCAACAT TTCTAATTTT 600
 TCCAAAACGA CGTATATCTG AATAAATTAA CTTTTTGTCA TTTGACAACT CAAAAATAAC 660
 40 ATGCCAATGC TTACGATAAT TAGGTATCAT AATATCTTCA AGTTCATCTA CAATGAAAAA 720
 ACCGCCCCGC ATACCTAAAT GACTAATTAA TGTACGTTGT TCTCGTTTAT TATCTAGCTG 780
 45 AAAAACGATA TATTTACTTC TTCGTTCTAC ATTTGTAATG GTATAGCCTT CCGATAAAGT 840
 TTTAAAAGTA TCTAATTCAA TTCCTTTTAT AATTGTTTCC TTGCCTTGAG CTTTACCTTC 900
 GATTACTTTA TCCGAAAATA TAACGTGTTC AATTTTTTGA TTTATAACGT AGGGTTCAAT 960
 50 TCCTCTTTTT ACATGTTCTA CTCTGGTAA TTCGGGCATA CCATTAACCT CACTTTATTT 1020
 TGCATCATAC CAGGTTGCAC CATAACTTGA GTCTACTTTT AATGGAACAT CTArTTGCAA 1080

55

TT

1142

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 458:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1814 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 458:

CCTTTAGTAA ACAATCCTTC TTTAGTTTAA GTACGTTGTT CCAATCCAAA TAATTTGTAT	60
TTCATTGCCT CGCCCGATTG AGTGCCGCTA AAGTTATCAT CTTTCATGTT AGGCGTGTG	120
GTAAACATGT GTATATCACT GTTTAAACGG TCTTTATAAG CTTCGGTACC TTGTACATCG	180
TATTGCTTAT AAATATAACC ACCATCAACA GAGCCTTCTG TTTCTCTACC TTCGCTATCA	240
GCATAAACAG TCGGTTCTAA AAACAACACG TTAGCTTCCT TTTGTTTTCT AACTTCTACA	300
GGATCTAAAT TTAAATTACC TTTAATAAGT AACATAGCGT CATTTAAATC ACTCATATAG	360
TTAGCAsymy CTGATTCAAG ATTATCATAC AAATCAATTA AAGTGATTAC TTTCTCATAA	420
TCCCTTTTTC TTCTTTCGTT GTTGCTAAAT TCTGTAATAG GCATACGTTT GAAAGAGTGT	480
GATTCAAAAC CGTTTTACAG TGGTGTGAGC TTCAATCCAT TTGTTCTACT GGTAAGATAT	540
CTATAAACAC CGTGTGAAGT GAATAAATCA ACTGTAAACA CTTTCATCTC GTCAGTCTTG	600
TCTATTGGTT TAGTTCCTAA ATATCTAAGC CCTGCGATAC TATTACGTTT AATTGTATTG	660
TCGTATATGA CAAAAGTACT CATTGCATCA CTCTTGATAA AACGCGTTTC ATCATCTTGG	720
TTTCTAATCA TTAATCATA AGCTTTGCCA TAAATTGACA AATCTAATCC TAAAGATCTA	780
TTGTGTGACT CAACATCATT TAAATCATTG AACGCCTCAA TAACTTCTAA TACATCTTTG	840
TCATCATCTT GATATTGAAT TGGATTACCC AAGAAATAGC CGTTGATAAA ATCGCTAATA	900
TAAGATGCGT AATCATGCGC TACACGGTTA TCTGCCATGT ACTCTTCTTT GCGTCGTGTT	960
AACTCAACTA AGTTCCTTAGT TTTACCTTCG TAATAATCAC TTAACACTTT CAATCTAGGT	1020
CGTTGGTAAT CCAATGTGATG TTCAATGTAT TTACTTACTT CATTAAACGTT TTGTAATAAA	1080
TCGGATTCCG TCCCGTCATA TGTGTAAACA ACATTGGCTT CATCATTAAT TAAGTAATTT	1140
ATGTTTCCCC GTAGATCTGT ATCTGTTTCA AATTCGTTTA CTTTTAACAT TTGTTCCCTC	1200
CTATAATCCT AGAGATTTTA TTGTGTCAAC TTTGGAAGT AGATTTGTGC GTTTtCTAAC	1260
CGGTCTGTAG AATCGTTCCA CTGAATAACG CAACGAATCG ATACAATGAT TGTATGTATC	1320

CTCTTCAATA GTCTTGAAAC AACGTTTCATC AACAAATGATT TCAAATTGCA TTAAGAATTG 1440
 TAACCCTTGT ACAACCGAGC CCTTCCCTTT TTTGGTTGGT AAAATCCTTT TAAGCCCTAG 1500
 5 ATTCCTTAAT TCAGCTATAC TTTTGTGTTG TGCACTATCT GCTGTAATTT CTTCCTTAGC 1560
 ATAACCAAGT TGCTTTATGA CATTAGCTAT TTCATCATTC AGCATACCTT GTTTAACATA 1620
 CTCTTCAATG ATGTATAACT TCTTTTCTT TACATCTATT TTAGAATGTA TAAAGCACT 1680
 10 AGGATCATT ACGTAGCCAA AGTCCAATCC AAAATAAGAA GGTAATGTC TTAACATC 1740
 TTTATTTATT AAACGTTTTT CATACTTAGG GAAAACCAAT TTGTCTAGTG TAGCAAATTC 1800
 ACCTAACGCA TAAA 1814

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 459:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 686 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 459:

AATTnAGATT ATTACCCTCC TTAAAAATA TTTGTTTCAC AATTTTTTAT TACCTATTTA 60
 CTGGTTTCAT GTCTTATGGG GCATTTTACT TGTGGTATT TGAAAATGTG CAAAATTTAA 120
 30 TCTTATATGT TTCTGGCTT TTCATGACTA TGCTATTTAT GTTTATGAAT ATGCATTCAA 180
 TTATAGATAA AAAAGTACAT ATATTCTTAA AGTCTAATAA ATAGTTACAA ATTTAGTTAG 240
 TTTTCAATTG TTAATTAGGG GTGGTAAACA GTGCTTTGTG AATCTAGACA AATTTATAAA 300
 35 AATCCTAAAT ATCGAGTTAT TAGATATAAT AATGAATATT TCATGGTCGA TTTAGTAAGT 360
 ACTTGGATTA CTTATTTTTT CCCTATGATT AATTGGTTTT TGCCCAAAA ATACGCAAAA 420
 ATTAGCGAAA ATGAATTTGA AAGGTAAAT ATAGTCGAGC CTGTTAAAA TAATGTTTTT 480
 40 TGGCCGTTG CAGGAAGTTC AGTTCATTTT GGAATTATAT TGAGAAAGTA CGGTAACCTC 540
 TTTAATGTTT AGTTTAAAA ACAACTAGCA ATCACTGTAT TTTTATCAT GTTAATAGGG 600
 45 ATGTTAATTT TTTATTTTTA TCTAAATAAA AAATTAACAT TAAAAATTTT TAATACCAAC 660
 GTGGGTAATA AGAATAGGAG TTGTAT 686

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 460:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1300 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 460:

5 ATCTGCAATT ATGGGCACAC CCAAGCTnAT GCAAGTAACT AAAGGAGAAG TACTTTTAGA 60
 CGGTGTAAAT ATTTTAGAaT TAGAAGTTGA TGAAAGAGCA AAAGCAGGAT TATTCTTGGC 120
 AATGCAATAT CCATCAGAAA TTACAGGTGT TACAAATGCT GATTTTCATGC GTTCAGCAAT 180
 10 CAATGCGAAA CGTGAAGAAG GACAAGAAAT CAACTTAATG CAATTTATTA AGAAATTAGA 240
 TAAAAACATG GATTTTCTAG ACATAGATAA AGACATGGCA CAACGTTATT TAAATGAAGG 300
 TTTCTCAGGT GGAGAGAAGA AACGTAACGA AATCTTACAA TTAATGATGT TAGAACCTAA 360
 15 GTTTGCaATC TTAGATGAAA TCGATTcAGG GTTAGACATC GATGCATTAA AAGTTGTATC 420
 TAAAGGTATT AACCAAATGC GTGGGGAaaa CTTTGGTGCA TTAATGATTA CACACTATCA 480
 20 ACGATTATTA AATTACATTA CTCCTGATAA AGTACATGTA ATGTATGCTG GTAAAGTCGT 540
 TAAATCTGGT GGTCCAGAAT TAGCAAAACG TCTTGAAGAA GAAGGATATG AATGGGTAA 600
 AGAAGAGTTC GGTTcAGCTG AATAATCTTA TTAATACAGT ATCCATGAGA TGTTcATCTA 660
 25 TATATGATGA AAATGAACAT TTATACGAAA TAGTAAATTT CATCAAGTAG GAGGAAAAAG 720
 TTATGACAAC TGATATTTTG rACaTtyCTG AAGAACAAct TGTTGATTAT TCTAAAGCCC 780
 ACAATGAACC TTCTGGATG ACAGAATTAC GTAAAAAGC TTTGAAATTA ACAGAACTT 840
 30 TAGAAATGCC AAAACCTGAT AAAACAAAAT TAAGAAAATG GGATTTTGAT TCTTTTAAAC 900
 AACACGATGT AAAAGGTGAT GTTTATCAAT CTTTATCACA ATTACCTGAG TCAGTAAGAG 960
 AAATTATTGA CGTAGATCAT TCTAAAAACT TAGTAATTCA ACATAATAAT ACGATTGCGT 1020
 35 ACACACAAGT TGATGATAAT GCATCGAAAG ATGGCGTTAT CGTTGAAGGT TTAGCAGACG 1080
 CTCTTATGAA CCATAGTGAT TTAGTACAAA AGTACTTTAT GAAAGATGCA GTAACAGTAG 1140
 ATGAACATCG TATCACAGCG CTACACACGG CATTAGTTAA TGGTGGCGTA TTTGTTTATG 1200
 40 TTCCTAAAAA TGTAGTTGTA GAACATCCAG TACAATACGT TGTGTTGCAC GACGACGAAA 1260
 ATGCAAGCTT TTATAACCAT GTTATCATCG TTA CTGAAGA 1300

45 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 461:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3135 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 50 (D) TOPOLOGY: linear

55

	GACAGCAAAT TCAAGATACA TTAAATAAAG ATATTGTCAT AAAGCATATT CTTGTTTCGAG	60
	ATAAATCTAA AAAGAGACCG CTAAATATTA GCCAATATCA TTAACTGAA GATGTTAATG	120
5	AAATTTTAAA TGATGATTCA TTAGATATTA TCGTTGAAGT CATGGGAGGA ATTGAACCAA	180
	CTGTAGATTG GTTAAGAACA GCACTTAAAA ATAAAAACA TGTTATTACC GCAAATAAAG	240
	ATTTATTAGC AGTACATCTT AAACCTTTAG AAGATTTAGC AGAAGAAAAT GGTGTAGCTT	300
10	TAAAGTTTGA AGCGAGTGTA GCAGGTGGTA TTCCGATCGT AAATGCCATA AATAATGGTT	360
	TGAATGCGAA TAATATTTCA AAATTTATGG GAATTTTAAA TGGTACCTCT AATTTTATTT	420
15	TATCTAAAT GACTAAAGAG CAAACGACAT TTGAGGAAGC ACTTGATGAA GCGAAAAGAC	480
	TTGGTTTTGC TGAAGCGGAT CCAACTGATG ATGTAGAAGG GGTAGATGCA GCGCGTAAAG	540
	TTGTCATTAC ATCATATTTA TCATTTAACC AAGTCATTAA ATTAAACGAC GTTAAACGAA	600
20	GAGGAATTAG TGGCGTAACT TTAAGTATA TTAATGTAGC CGATCAACTG GGGTATAAAA	660
	TTAAATTGAT TGGTAAGGGA ATATATGAAA ATGGCAAAGT TAATGCATCG GTAGAACCAA	720
	CGTTAATTGA TAAAAAGCAT CAATTAGCAG CTGTAGAGGA TGAATATAAC GCGATTTATG	780
25	TTATTGGTGA TGCCGTTGGT GACACGATGT TTTATGGAAA AGGAGCAGGC AGTTTAGCAA	840
	CAGGTAGTGC CGTTGTCAGT GATTTATTGA ATGTAGCATT ATTCTTTGAA TCAGATTTAC	900
	ACACATTGCC ACCACATTTT GAATTAAAGA CAGATAAAAC ACGGAAATG ATGGATTCAG	960
30	ATGCAGAAAT TAATATTAAA GAAAAATCCA ATTTCTTTGT AGTAGTGAAT CATGTCAAAG	1020
	GTTCAATTGA AAATTTTGAA AATGAGTTAA AGGCAATATT ACCATTTTAC CGATCATTAA	1080
	GAGTTGCAAA TTACGATAAT CAATCATATG CCGCTGTTAT AGTTGGATTG GAATCATCAC	1140
35	CGGAAGAATT AATCACTAAG CATGGATACG AATTGACAAA GTATACCCAG TAGAAGGAGT	1200
	TTAATTATAA TGAGAAGATG GCAAGGATTA GTAGAAGAGT TTAAAGCACA TTTACCAGTA	1260
40	AATGAAAATA CACCAAAATT AACATTGAAC GAGGGAATA CACCACTCAT TCATTGTGAA	1320
	AATATGTCTA AAATACTAGG CATAGATTTA TATGTGAGT ATGAAGGTGC CAATCCGACA	1380
	GTTCAATTTAA AGATCGCGGT ATGGTAATGG CTGTGACAAA AGCAAAGAG CAAGGTAAGA	1440
45	AAATTGTAAT ATGCGCTTCG ACTGGAATA CATCAGCGTC TGCAGCAGCA TATGCAGCGA	1500
	GAGCAGGTTT AAAAGCTATC GTCGTAATAC CAGAAGGTAA AATTGCATTA GGTAAATTGT	1560
	CGCAAGCAGT AATGTATGGT GCAGAAATCG TTTCTATTGA AGGAACTTT GATGAAGCTT	1620
50	TAGAAATTGT AAAAGAAATT GCAAAAAGTG GCGAAATCGA GCTTGTAAC TCTGTCAATC	1680
	CATTTAGAAT CGAAGGACAA AAGACAGGCT CATTTGAAAT TGTACAACAA TTAGACGGTG	1740

55

AAGGCTTTAA AGAATATCAT GAAGCTAAAG GATCACAATT GCCGAAAATG TTTGGCTTCC 1860
 AAGCTGAAGG CGCATCACCA ATTGTTCAAA ATAAAGTCAT TAAAAATCCT GAAACGATTG 1920
 5 CAACTGCTAT TCGAATTGGT AATCCTGCTA GTTGGGATAA GGCGACTAAT GCTCTTAAAG 1980
 AATCAAATGG ATTAATAGAT AGTGTTACTG ATGATGAAAT TCTAGAAGCA TATCAGTTAA 2040
 TGACAACTAA AGAAGGTGTC TTTAGTGAAC CAGCGAGTAA TGCTTCTATT GCAGGTTTAA 2100
 10 TTAAATTGCA TAGACAAGGT AAATTACCTC AAGGTAAAAA AGTAGTTGCT ATTTTAACTG 2160
 GTAATGGATT AAAAGATCCT GATACTGCTA TTTCACTACT AGATAATCCG ATAAAGCCAT 2220
 TGCCAAATGA TAAAGATAGC ATTATCGATT ATATTAAAGG AGCTTTATAA CATGTCGAAT 2280
 15 GTTTTGGAGT TAACAATTCC TGCATCAACA GCCAACCTTG GAGTTGGCTT TGATTCTATA 2340
 GGTATGGCTT TAGATAAATT TTTGCATCTG TCTGTAAAGG AAACATCAGG GACAAAATGG 2400
 20 GAATATATTT TCCATGATGA TGCATCTAAG CAATTGCCTA CTGACGAAAC AAACCTTTATT 2460
 TATCATGTAG CACAACAAGT TGCTTCTAAA TATAGTGTG ACTTGCCTAA TTTATGTATC 2520
 GAAATGAGAA GTGATATTCC ATTGGCAAGA GGGTTAGGTT CGTCAGCTTC TGCTTTAGTA 2580
 25 GGAGCTATAT ATATCGCAAA TTATTTGGT GATATCCAAC TGTCTAAACA TGAGGTATTA 2640
 CAATTAGCGA CTGAAATCGA AGGACATCCT GATAATGTTG CGCCGACCAT TTATGGTGGT 2700
 TTAATCGCTG GATATTATAA TGATGTCTCG AAAGAAACGT CaGtGCACA TATCGACATA 2760
 30 CCAGACGTGG ATGTGATTGT AACGATACCA ACTTATGAAC TAAAAACAGA AGCATCAAGA 2820
 CGTGCTTTAC CAAAAAATT AACACATAGT GAAGCGGTTA AAAGTAGTGC AATTAGTAAT 2880
 ACAATGATTT tGgCATTAGC ACAGCACAAT TATGAATTAG CAGGTAAACT CATGCAACAA 2940
 35 GATGGCTTTC ATGAACCGTA TCGTCAGCAT TTAATTGCTG AATTTGATGA AGTGAAAACA 3000
 ATTGCTAGTC AACATAATGC CTATGCAACT GTAATTAGTG GTGCTGGACC AACTATTTTA 3060
 ATATTTAGTC GTAAAGAAAA TAGTGGGGAA TTGGTTCGCT CTTTAAATAG TCAGGTAGTA 3120
 40 TCATGCCATT CTGAA 3135

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 462:

- 45 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1209 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

50

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 462:

55

AGnTCAATAT TTAGATCAAG CCGTTTAAAG TAATTACGAA CAAGTTTATA TCATTCATGG 120
 TAAAGGTACA GGTGCACTTC AAAAAGGTGT ACAACAACAT TTGAAAAAGC ATAAAAGTGT 180
 5 TAGTGACTTT AGAGGTGGTA TGCCAAGCGA AGGTGGATTT GGC GTTACCG TTGCAACACT 240
 AAAATAAATT ATAATTGAT AAATTAAATA GCTGCAGTTA AAATAATGTA AAGCAACAAG 300
 AATACATTTT AAACATGTTA TTTGAAATAA GCATAAAAAAT TGAGCAAATA GAAATACATG 360
 10 AAGCATGTTA TCTGATATAA TTTGAACATC ATAATAATAA TTAAGGAGGA TTGGCATTTA 420
 TGGCAATCGT AAAAGTAACA GATGCAGATT TTGATTCAAA AGTAGAATCT GGTGTACAAC 480
 TAGTAGATTT TTGGGCAACA TGGTGTGGTC CATGTAAAAT GATCGCTCCG GTATTAGAAG 540
 15 AATTAGCAGC TGA CTATGAA GGTAAAGCTG ACATTTTAAA ATTAGATGTT GATGAAAATC 600
 CATCAACTGC AGCTAAATAT GAAGTGATGA GTATTCCAAC ATTAATCGTC TTTAAAGACG 660
 20 GTCAACCACT TGATAAAGTT GTTGGTTTCC AACCAAAAGA AAAGTTAGCT GAAGTTTGTAG 720
 ATAAACATTT ATAAGTTACA ACCAATGACG ACTGGGGCAT TTCTTTAATG AATTGCTCCA 780
 GTTTTGTGTT GTGTTTTTAA TATAAAAAGT TGAATGATAA GTCATCATAT TGTTTACGAC 840
 25 TTGAGAATGG TGGGATTAAT AAATCTATGA ACGTTAAATG ATAATCTAGC ATGCTGATAG 900
 ATTTGTAGCA GTTGGTTTGA TAAAACCATG TTCAATATTA CATGATGTGC ATGAAAAGTC 960
 ATACTCGAAG ATGTTGATTA TTAAGTAGAA TTAGTGGTGA TAAATTGAA GCACTTTTGT 1020
 30 AGCATCATTC ATTTTAAAAT TAGAAGGGGG GATATTTTTG GAAGACTATA AGCAACGAAT 1080
 TAAAAATAAA TTAAATGTCG TACCTATGGA ACCAGGATGC TATTTAATGA AAGATCGTAA 1140
 TGATCAAGTG ATATATGTTG GCAAAGCTAA AAAGCTAAGA AATCGATTGC GATCATATTT 1200
 35 TCACGGGTG 1209

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 463:

40 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2410 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

45 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 463:

AGTTCAACAC GACGAATTTT ACCTGAGTTT GTTTTGGTA AGTCGTCAAC GAATTCAATC 60
 50 TCTCTCGGAT ATTTATATGG TGCAACTTCA TTTTAAACAA ATTGTTGTAG TTCTTTAACT 120
 AACGTATCAT CACCCGCGAGT ATGGTCCTGT AAAATAACGA ATGCTTTAAC AATATTTCCT 180

55

	GCATCTTCAA CTTCAAAGG CCCAATCGTA TAGCCTGAAC TAATAATAAT GTCATCTCGA	300
	CGTCCTTCAA ACCAGAAATA ACCATCATCA TCTACATGAG CTAAGTCACC AGTGATGTAG	360
5	TATTACCTG TTTGCGCTTT CGCCGTACGT tCTGGCTCTT tATAATACCC TTTGAAAAGT	420
	GCTGGCAAAT CAAGTGGTAC TGCAATATTC CCTTTCGTAT TAGCAGGTAC GCTATTCCCC	480
	TCATCATCTA CTACAGTGAC CGAACTACCC GGAATGCCTT TACCCATTGA TCCAATCCTC	540
10	TGTGGTGTAT CTTTTAAAAA GCCTATAAGC AAGGTACTTT CAGTCTGGCC ATATCCATCT	600
	CTTACAGTTA AATTAAAGTA TTTCTTGAAT TGTTCAACTA CTTCTCGATT TAGTGGCTCA	660
	CCTGCAGAAA CGGCACTATG TAAATGCGTT AAGTCATAAT CATTTAAGTT CTGTAATTTA	720
15	GCCATCATAC GATATTCTGT CGGTGTACAA CATAAACAT TAATTTGATA TTTTGAAGC	780
	AATTCTAAGT ATGTTTCAGG ACTGAACCTT CCATTAAATA CAAAAGCAGT TGCACCTGAA	840
20	CCTAATACAG ATAAGAAAGG ACTCCATACC CATTTTTGCC AACCTGGTGc TGCTGTTGCC	900
	CAAACCTAAGT CATCTTCATT aATACATAc CAATGTTTTG GTGCCATTTG TaAATGTGcA	960
	AATCCCCaTC CATGACAATG TGTAACGGCT TTAGGATTGC CAGTTGTACC AGATGTATAT	1020
25	GACAGAATCG CCATATCATC ACGCGTCGTA TCTGCCATTT CTAGTTTGTT ACTTGCCTTT	1080
	TCTTTTTCAG CTTCAAGTGA AATCCATCCA TCTTTTTGAC CGGCAATAAC AAATTAGTT	1140
	AACGCATCAT ATTCTTTAAT TTTTCAAAT TCAACTGTGA ATGGCTCTAG TGCAATAACT	1200
30	GCATTAATTT CACCATGTGT GATACGGTAT TGTAATCTT TAGTTCTTAG CATTCAGAA	1260
	CATGGAATGA TTGCAACACC TAATTTTAAa GCAGCAATAT ATAATTCATA CGTCGCAATA	1320
	GATCGTGGCA TCATAATGAG TACTTTATCG CCTTTAGATA AACCGTGCGA TGCTAAAACA	1380
35	TTACCTACTT TATTAGACTG TTCAATGAGC TGTTGGTAAG TGA CTGATAT ATCTTCGCCT	1440
	TCAGTATTAT GATATAAAAT TGCCTTTTTA TCTGGTATGT GGCTATATTT TTCGATTGCC	1500
40	GAAATAATGT TATATTTTTT AGGCGCGAAT AGAGCTGACT TTTGCATAAC TAACCTCCTT	1560
	TCATACATCC ACTTTTCCTG TGATGAACAT TGTAATTTTA TAAATGAATT ATATACATCA	1620
	TACGCCTATC TTTACAGAAT TTTCAATTAA ATAGGGTTAA ATACCAAAGT CCTCGACACT	1680
45	ACACTTTGAC ATGACGTAGC ATTCAAGGAC TTTCAAATGA TTGAGGGTTG ATATCTCGGG	1740
	CTAGACCATA TCAGCTAATT CAATACGAAT ATTGTATGAT AATTCACGAT TAATTATTTT	1800
	TACATCTGCA CCTTTCGAAG TGCCACGATG CTTGTGTGTA TGCTTGTA CT CAGCTGAATT	1860
50	TTGCCAATGA TAAATGCTT GCCTATTTTC CCACAGCGTA ATAATGATAT AGTGTCTACC	1920
	AGCTGTTCTA GGTCTTAAAA ACCTTAATGC TTAAATCCA TCAACGTTTT TTAAATGCTT	1980
55		

ATTTAACACA CATAATGAAT CATTTGATAA ATCATTTATC GCTTCTAGCA CATCGTAATA 2100
 TGCAGTGTCA TTATTTTTTT GTATTGTGAG ACAATCATCC AGTTCTTCTA TTACATAACT 2160
 5 TCTATATTCA TCATAAATTT TCATAATAAA TGCCTTCATT TCATTATAT TTTTGGTCAT 2220
 ATTACTKTAT ATCTATTACT AAtkCATTCC CGTATTTATT AATTACAATC ATAGTTTGGC 2280
 TyCTTTTTTAA AAGATAAGAC TTTGTAAAAA GTATTAATAT TTCATGCAA TGGGGGACAG 2340
 10 GAGTCGCCCA CTATTTTGT GTCTTCAATT TCATGATCAT TATTTAACAT TAGTCATGAA 2400
 AATAGCCGAC 2410

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 464:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 590 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 464:

25 TTTATTAAATT GTAAAAAATT GAGTAAATTA TCTTTACATT CTAAATTAGT CTTAAC TACA 60
 ACTAGTATCC TAATAATTAT AGGAGCTATT ACATTCTTTT TATTAGAACA GTTTAATACT 120
 ATGCAACATA TGGGACTAGT TGAAAAAATC GGAAATTCTT TTTTCCAATC AGTAACAACA 180
 30 CGAACAGCGG GTTTTAACAG TATAGATATA GCAAGCATTa rCAAATCTAC CGCATtAaTG 240
 TTAATGCTAC TTATGTTTAT TGGTGGTGCC CCTCTCAGTG CAGCTGGAGG AATTAAAATA 300
 ACTACTTTTG CAGTTGCGTT TATTTTGTGA CTAAATTATA kACGTAAAGA AAATAATGTT 360
 35 TCAGTATTCA ATAAAGAAAT ATCTGACAAA CATATAAAAC TATCTATTGT TACCATTAAAT 420
 ATCTCATTTc TATTTATCAG CATCATTACT TTTATATTAT CGATAATTAA TCCGAACATA 480
 40 TCATTAATCA AGTTATTATT CGAAGTGgTT TCTGCATTCG GAACAGTAGG GTTAAGTATG 540
 AACCTTACCA CAGAATATCA TGGTATTACT AAAATAATTA TTATATTCGT 590

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 465:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 905 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 465:

TATTCGATTT GAnTCTTTTA AAATTATGTT TAAAAACATG TCTAATGATT CCGCATCATT 120
 TTTTGCACCA TCAATAAGCG TTTCAGcAAA CCCCTTAATT GAAGTAATAG GTGTTTTTAA 180
 5 TTCATGTGAA ACATTTGCTA CAAATTCACG TCTTAGATTT TCAAGTTGTT TCAGATTTGT 240
 TATATCATGC ATCACaACTA AAATCCctTG CAAACTTTTT TGAGACCTAG TTAAaATCGG 300
 AACGCATGAA ATATCAAAGT ACTTGGCATG GACTTGGTTT ATTGCAACTT CCAATTGTTT 360
 10 ATAAATAGGT TTTTCAACTT TAAaACTTTC TAAaATTAAT TGCTCAATTT CAGTATTAAC 420
 ATAGCCGTGA TAGCCTACTT GTTCAATATT ATGCGAGATG TTGAAGTGT CATAATACGC 480
 TTTATTTGCA ACAACGATTT TTCCATTTTG ATCTATCATT AAAATAGCAC TTGGAATATT 540
 15 TTCAATCGTT GTTTTTAAAC GGTGGATTG AATTTTTTGC TCATTATTAA GCTTTTGAAG 600
 GCGTCGTGCT AAATCATTGG TAGACACAAA AAGCGCTTTA GTTCTACAA CATTACTTTC 660
 20 AGGTACACGT ATGTGATAAT AACCATTGTC CAACAATTGT GTTGcATAAG TAACTTCTTG 720
 AATGGGACGG ATTAATGTAC GCTTAAaACT ACGGCTTGCA AAATACAGAC AAATGAGTAC 780
 AACTAAACAT GTCAaAATAA GATATTTCCA CAACGTCCA TGCATTTCTG TAATATCGTT 840
 25 ATTGTAACCT TTAATCCATA CATGATAACC GTTAACCTTC TTATtAAAAA TAAAAACGTC 900
 CCTTT 905

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 466:

30 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1016 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

35

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 466:

TTTGGTTAGC CCATAAAAGA AAAAAACAAG TAGTCATTTT TAAACAACAT ATCAAGTCTA 60
 40 CCCAAGAAAT ACGTTTTGAC AAAGCGAAAG TGCTTGAACA CAAAGATGAA ATAGCAAATT 120
 TTATTTCTTT CGAACCACAA AGTTTGAAT TTTATTATTT TACAGAATCG GAATTTTCAG 180
 45 AAGAACAATT AAATGAAGTT TCGCCAATTA GAATTAAATT CAATGTTATA AGACACACAA 240
 AAGATTTGaT AAAGCATATG CCGAATATAT TTTGGcTAG ACTTATTTCA GAAGATAATG 300
 ATAAAAAGAC ATATATGTTT TATAACGCA AAGTATTAAC CGATAACTTT TTAGATAAAT 360
 50 ATATGCAGAA ATTTTCACCG GCAACATACA CAATAATATT TGTAATGTC TTAATATGGT 420
 TAIGTATGAT TTTATATTTA AATAATTTTT CGGATGTAAA ATTATTAGAT GTTGGCGGGT 480

55

ATTTTAGTTT TGAACATATA CTTATGAATA TGCTTTCATT ATTTATTTTT GGTAAATAG 600
 TCGAAGCAAT TATTGGTTCA TGGCGGATGT TAACTGTATA CTTTATTGCA GGGTTGTTTG 660
 5 GAAACTTTGT ATCACTATCA TTTAATACGA CTACAATTC AGTTGGGGCT AGTGGTGCTA 720
 TATTGGTCT GATTGGATCA ATTTTGCGA TGATGTATGT TTCAAAAACA TTTAACAAAA 780
 AAATGTTAGG ACAGTTATTA ATTGCATTAG TGATATTAGT TGGTGTTCCT CTGTTTATGT 840
 10 CAAATATAAA TATTGTGGCG CATATTGGAG GATTCATTGG TGGTTTATTA ATAACCTTAA 900
 TTGGCTATTA CTATAAAGTG AATCGtAATA TTTTTGGat TtactAATTG GTATGctTGt 960
 tATATTtAwT GCACyTCmAA TTagAtTTTT ACmATTAAAG AAGATAATAw TTATAA 1016

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 467:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 406 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 467:

AACTTTAAAT TTAGACATCT TTA AACCTC TCTTAAACCA TGCCTATATC TCAAGATGAT 60
 ATTTCAAATG AACAACTACTA TTGCTTGAGA CCATTAATGA ATGATCATAA ATATTTCTTT 120
 30 CTATAAAATT AGCTTTCCAA TAACTGTGTT GTTGATAAT ATCATTCAACA AGTACACCAT 180
 TTTCCGAAGT ATGATTATCT TTATCTATAC TTA AACCAAT TTGTTTAGTT TTAGCATGGC 240
 TAAATTGTTG AAGACCCTTA CACGATAAAC GTATAGCGTC TGAATTCTCA TTTAACAAATG 300
 35 CGGCTGGgCA AACAAATGAC ACATTGTACT TCATGTTTGA ACtTCGTTAC AATCaTCGTG 360
 kCatTTTGat AAATAACAAT CCCTCGTAAT kGATTAAGTA TATTAT 406

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 468:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1378 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 468:

AGATAATACA CTTGAAGTTG GAATGGTTTG TGACGGTTAT TTAATGCGAA TTGAAACTT 60
 AACACCATCA AATTTCTTCA ACTCAGCAAG TGAAGATACG ATTACTAAAA TTAAATTAAA 120

AGGTACAGCG TTAAAACTAA GAGAAGCCAT CAATTATGAT GAAATGGTTA TTGTAGATAG 240
 TATGACGTAG TTCCTAATTA TGCKAAAAGG GATTGATGAA AACTGAAGG GCTTTTCATC 300
 5 AATCCCTTTT ATTTTAGGGG AATTGAATAG ATAGTTTAA ACTATACGAA TTATTAATAT 360
 TTGAGATTTA ATTGAAATAA GTTTTAAAAA TTGGAGGAGA TAGATTAAGC GAAGTCATTT 420
 AAAGGTGAAG TTAAGTGTAT TCACAAAAAa TAGCCACACT CATATGACAT CGGATGAGTG 480
 10 TGGCTTAAGG ATCTATGGGG GGAGGAaCC ATAGATGTTT ACTTTGATAG GCCAGATTAA 540
 ATATCAAAGT ATGCGATTAT TTATAGCTTG ATGCAAAAGT GGTATGCCTA TTAAAAGTTA 600
 CTGCACATAG CTTTTAATAT TCCGTTCAAA GGAAAGGGGC ATACAATTGA ACAATCTGTA 660
 15 ATAGTACTIT TAACCACTA TGLTAAAGT CTACTAGGGA GACAGTTGT TCAATCACAT --- 720 ---
 AAGAACCTCT AACTTCGTTA GTACGATTAA GAAAAGCTTT TTAGTTAGTA TGTAATACAA 780
 TTTATTGACG CGCGTGAATC TCTTTTATAA GAGTGTGTAG GGAATGGCGT TGTATAAATT 840
 20 TATTAGAAG AACTTCTAAC GCATCTCTGT GGTAAAAGA GATGAAGGGA ACGACAGTTT 900
 AATAAAACCT GCATAAGAAC TTCTAGCTTT TCTCTCTCGT TCAAAGAGAA GCAGCTGTTC 960
 ICAGTTTAAT CAAAACCACA TAAAGCTTTT AACTTTACTC TTTGATTAA AGAGTGATAA 1020
 25 ATGTTTACAG TTTAATTAAA ACTGCATAAG AACTTCTAGC TTTTCTCTT CGTTCAAGAG 1080
 AAGCAGCTGT TCGCAGTTTA ATCAAAACCA CATAAAGCTT TTAACTTTAC TCTTTGATTT 1140
 AAGAGTGAC AAATGTTTAC AGTTTAATTA AACTGCATA AGAACTTCTA GCTTTTCTCT 1200
 30 TCGTTCAAA GAGAAGTTCT AATACCACCA TATCGTGC GA TCGGGAACGG TATATATATT 1260
 AATAGGAGGG TAATATATAT TTAACGCACG ATATGGGACT ATTAGCCTTC GACTTTGTTA 1320
 35 TGTGATGTG TGGCCTAAAA TATTGGAGAT ACCAATATTT TAGGTTGCAT CAACATCA 1378

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 469:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4171 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 469:

TCCCAACCAA TAATCGTGGC AAAAATACGG ATATTGGTAT GGCTTAACAA ATTGCAAATA 60
 TCGTTTAATC ATACATCCCC CCTAATCTAT TGCCCTATCC TATTCaTAAG CATAAAAATG 120
 AATAGAGGTT GGATACATAA TTTGTAGATG TAAATCTTC TTACAATTTA CATTTTTTAA 180

	TTATATTCTA TTCAATTAA TCTATGGATA CTGTGTCCCC ACACGACAGC AAAAGTTATC	300
	ATACTTCTTT ACATCACTAA GTCAATATAA ATGATTTAAT CAGTATTTAC ACTTTATTTG	360
5	CTTAATACTG TCTAATTTTT TTGTAACGTT CTTTCCAAAC TTTGATAAAA TCTGGCGCGA	420
	ATGGGCCCTT CTTCTGTCT ATCCATTGTT GAAGAATGTC CACGTTGCGT CTTAAAATAA	480
	TATCAATATC ATGCGGATAA TTCATTTGAT TCATATGTTG CTCATATTCA TCTTCATCTA	540
10	ATAAATGATA CTTTCCGTTT GGATATACTT TAATATCTAA ATCATAGTCT ATATATTTTA	600
	ATGCCTCTTC ATCACAACA AATGGTGATG ACAAATTGCA ATAGTAATAA ATTCCATCTT	660
	CTCTAAACAT GCAGATAACA TTaAACCAAT ATTCTGAGTG AAAGTaACA ATTGCCGGTT	720
15	CACGTGTTAT CCAAGTTCTT CCGTCACTTT CAGTCACTAA CGTATGATCA TTTCCACCAA	780
	TGACAACATG ATCAGTACCC TTTAATATTG TTGTTTCAGA CCAAACGCGA TGAATCTTAC	840
20	CATCATGTTT ATAACCTCTGA ATTTAATGT TTTCCCCTTC TTTAGGTATG GATTCTCTGA	900
	CCATACTCCA CACCACCTTC TGTTAATTTA ACCATTATAA ATTATAGCAT ATTTCAGAAA	960
	TAGTATTATA TAAATACATA TTTTACGAA ATAAGATTTT ACTACTTAAT AATTAACTC	1020
25	GGTAATATTG CTAAGTACTA CAACAGAGAT TTACATGTCC CATTTAAAGT ATATAAATC	1080
	ATCACTTTTA TATATCAACA CTTTAACTTT TTGACATTGT TATTCTATGA GATTTAAAGA	1140
	TATCATTIAT ACTTTTAAA ATTAATGTCA CTATGTTTTT CGATAATATT ACCAATCATC	1200
30	GAATGTTACC CATTTATAAA TTGATAAATs TTTGACATAG GTACAGGGAA TGTATATTGA	1260
	TCTCGATCAC TTAAATCAAA CCAATCATG TCATCTGGTA ATGTTTCAAT GTTAATTGCT	1320
	CCTGAAACGG CGTATACTTT AATCTTCCAT GTTAAATGAG TAAATTGATG CTTCAACTCA	1380
35	AAAATAGGTG TTTCTACTGG TTGAATGTCA TGACCGATTT TTTCAGTCAT TTTACGTCTA	1440
	GCATGCTCAC TTTCAAACAT AGGAAATTGC CACATACCAT GCAATAATTT TTCGCTACGC	1500
	TTTTGCAACA GATATTGACC TTGATTATTT CTAATTAAAA AGACGGATTG CTCAATTACT	1560
40	TTTTTACTTA CATTTTTagA TTTAACAGGT AACTTTTCAA ATGTACCTTT ATCAAATGCC	1620
	TCACAGTTTT CTTGAAGTGG ACAAATAAG CATAATGGAT TTTTGGTGT ACAAATTAAC	1680
45	GCCCCTAATT CCATCATAGC TTGATTAAAC GTTCCAGCTT CTGTAGTAAC ATACGGTAAT	1740
	AATTCTTGTT CGTACGATTT CCTCGTCGAT TGTAATTTAA TATCTCGATA GTCATCATTC	1800
	AATCTAGACC ATACTCGAAA AACATTTCCG TCTACAGTTG CTAGTGGTAC ATTATATGCA	1860
50	ATGCTCATTA CTGCAGCTTG TGTGTATGGG CCAACACCTT TTAACGCTTT AAATTGATCA	1920
	GGATCTTTGG GAACTAAGCC TTCATATTTA TCATGAAGTT CTTTAATCGC CGTATGAAAA	1980

55

	GCTTGaCTCA	AAACTTCCAC	AGTTGGAAAT	CGTTCAACAA	AACGATGATA	ATAGTCAATA	2100
	ACTGTTTTAA	CTGTGTCTG	TTGTAACATG	ACCTCACTTA	ACCAAATATA	GTACGGATTG	2160
5	GTCGTTTGTC	GCCATGGCAT	TTCTCTTTGA	TTTTCATCAA	ACCAGTGTAT	CAAATTTTCT	2220
	TTAAAACTAG	ACTGCTGATA	CATTTATAAA	ACCCTTTCCT	CACCAAAATT	AATTGTCTTT	2280
	ACTCATAATG	TTTTTATTGT	ACATTAAAAT	CATGGTTAGT	ATGTAAGTTA	ATTTAGTTAT	2340
10	TTGCGAAATT	GGATTATAAT	AGTATATATA	ATATTATGAA	ATGAGTGAAC	TGATATGGAC	2400
	ACTGCAACAC	ATATCGCAAT	TGGGGTGGGC	CTTACAGCAC	TTGCAACTCA	AGATCCAGCA	2460
	ATGGCTTCTA	CGTTTGGTGC	AACAGCTACA	ACCCTTATCG	TTGGTTCATT	AATTCCTGAT	2520
15	GGGGATACTG	TTCTTAAATT	AAAGGACAAT	GCAACATATA	TTTCGCATCA	TAGAGGTATC	2580
	ACGCATTCCA	TCCCTTTCAC	AATACTATGG	CCAATTTTAA	TTACATTTTT	AATATTCACG	2640
20	TTCTTTAGTG	GAACCAACCC	ATTTTCATGTA	TGGATGTGGG	CTCAGCTCGC	AGTATTTTTA	2700
	CATGTCTTTG	TAGATATATT	CAATTCTTAT	GGTACACAAG	CGCTTAGACC	TATCACAAAC	2760
	AAATGGATTG	AATTAAGTGT	GATTAACACA	TTTGACCCTA	TTATTTTCAC	AGTTCCTTGT	2820
25	ATTGGTATTG	TATTATGGGT	TATAGGCTTG	CATCCATTG	CAGTCTTCTT	TCCTATAATC	2880
	GCTTTACTAA	TCATTTATTA	CATGATTCGT	TTTAAATGA	GAGCCGTAAT	TAAGCAACAA	2940
	GCTTTAAAAG	CAATTCAACA	AGAGCATCAC	CCTGTTAAAG	TATTTGTGTC	GCCAACAATA	3000
30	AAATTTATGG	AATGGCGTGT	CGCGATACAA	ACTGATGCAC	ATGACTATGT	TGGAAAAGCA	3060
	TATGGTAGGA	ATGTGGTGTT	TAGTGATAAA	GTGGAACGTC	AAACATTATC	AACAGACTCC	3120
	ATTTTATGGA	AAGTCAAAGG	TAATAAAGAT	ATACGTACTT	TTTTAAACTT	TTCATCAATC	3180
35	TATCGTTGGC	AAACAACAAC	GTTAGCAGAT	GGTTCTACTG	AAATTCGTTT	GATTGATTG	3240
	CGTTATTTAA	AAAATGATCA	TTATTCATTT	GTGGCAATTG	CACATGTAAC	AAACGATAAT	3300
	GTCATAGACC	ACTCTTATAT	TGGCTGGGTA	TTACAGAAG	ATAAGTTACA	ACGTAAACTG	3360
40	TATGCTAAAT	AATTTCAAGT	TATTATTCAC	TAAAGTTAAT	CTATAAAAAA	TGAACAACCG	3420
	GGCAGAATGA	AAATCAAAAC	GATTTTTACT	CTGTCCGGTT	TTTAAATGTA	AAACTATGAA	3480
45	TGCTTTTACA	AAATCTAAAA	TTTATATTGT	TGCTAACAAA	CTACCTTTAA	TGACTCGAAA	3540
	TATCAAAATC	AGTATAGGAA	AACAATATCT	AGATGATATT	CTAATTGTTT	CTGATTCTCA	3600
	CAGATTAATT	TACACAACAG	GTCAGCTAAA	CATCATGAAG	AAGTATCCGC	CTCGTCTGTA	3660
50	CTATCATTTG	AAACATCCTG	TTGATTATCa	GTTTGTGTCA	CTTTAGATGT	TTTATTaTAA	3720
	ATTGCGTGTG	TCGTATACCT	TGCTAATACG	AAATTTACTG	CAGCTATTAA	ACATAAGAAT	3780

55

TGTGCTATAC CATTAAACAAT GTAATACATT GGATTTAGCA TTAGGATGTG ATTGATAAAT 3900
 ACATGATTG GATTGGTAT GAAAATAATT GGTAACAATA AGAAACACAA TACACAAACC 3960
 5 CCATAAAATA TGATATTTAT TTTTTCAGWT AACAGTCGAA TAAGACCAA AGTAACGGAT 4020
 ATTAATCCTA CAAAATAGT TGCCATCACA ATAAATAGA ATAGCGCTAT ATATGATGTT 4080
 TCGAAGTTTA CTGGTTTAAC CAATGCACTA ATCATCGTCA AAATGACTAG CATAATAAAA 4140
 10 CTTAAATAG ACATAATAAC TACTGGCGTC G 4171

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 470:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 9821 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 470:

TGGTTGAAGT AGCAGTTAAT TCAAAATCTG CAACAGTTTC AGCAGAATaG GGGCTTTCAA 60
 25 AATAAtCAA GGAGAATAAT TTATGACTAA AACTTTAAAG GTTTATAAAG GAGACGACGT 120
 CGTAGCTTCT GAACAAGGTG AAGGCAAAGT GTCAGTAACT TTATCTAATT TAGAAGCGGA 180
 TACAACTTAT CAAAAGGTA CTTACCAAGT GGCATGGGAA GAAAATGGTA AAGAATCTAG 240
 30 TAAAGTTGAT GTACCTCAAT TCAAAACCAA TCCAATTCTA GTCTCAGGCG TATCATTTAC 300
 ACCAGAAACT AAATCAATTA TGGTAAATAC CGATGACAAT GTTGAGCCAA ACATTGCACC 360
 AAGCACAGCA ACGAATAAAA TATTGAAATA TACAAGTGAA CATCCAGAAT TTGTTACTGT 420
 35 AGATGAAAAT ACAGGAGCAA TTCACGGTGT AGCTGAAGGT ACTTCAGTAA TCACTGCTAC 480
 GTCTACTGAT GGAAGCGATA AGTCAGGACA AATTCAGTG ACAGTAACAA ACGGATAGGG 540
 ATTTAAGGCG CAGTATATCT GCGTCTTTT TATTGAATA AAAGGAGCTA ATACAATGAT 600
 40 TAAATTTGAA ATTAAAGATC GTAAAACAGG AAAACAGAG AGCTATACAA AAGAAGATGT 660
 AACAAATGGGC GAACAGAAAA ATGCTATGAG TATTTAGAAT TAGTAAATCA AGAGAATAAA 720
 AAAGAAGCAC CTAACGCAAC AAAATGAGA CAAAAGAGC GACAGTTATT AGTAGATTTA 780
 TTAAAGATG AAGGATTGAC TGAAGAAGAT GTTCTGAACA AGATGAGTAC TAAACTTAT 840
 ACAAAGCCT TACAAGATAT ATTCGAGAA ATCAATGGTG AAGATGAAGA AGATTCAGAA 900
 50 ACTGAACCAG AAGAGATGGG AAAGACAGAA GAACAATCTC AATAAAAGAC ATTTTATCGA 960
 ACATTAAGAA AATACAACGT TTCTGTATGG AGCAGTATGG GTGGACATTA ACTGAAGTCA 1020

	AAGAAAAACA AAGTGAACAA AAAGTCATTA CAGGTACGGA TTTAAGAAAA CTTTTTGAA	1140
	GCTAGAAAGG AGGTTAATAT GAATGAAAAA GTAGAAGGCA TGACCTTGGA GCTGAAATTA	1200
5	GACCATTTAG GTGTCCAAGA AGGCATGAAA GGTTTAAAGC GACAATTAGG TGTGTGTAAT	1260
	AGTGAAATGA AAGCTAATCT GTCAGCATTT GATAAGTCTG AAAAATCAAT GGAAAAATAT	1320
	CAGGCGAGAA TTAAGGGGTT AAATGATAGG CTTAAAGTTC AAAAAAGAT GTATTCTCAA	1380
10	GTAGAAGATG AGCTTAAACA AGTTAACGCT AATTACCAA AAGCTAAATC CAGTGTAATA	1440
	GATGTTGAGA AAGCATATTT AAAGTTAGTA GAAGCCAATA AAAAAGAAAA ATTAGCTCTT	1500
	GATAAATCTA AAGAAGCCTT AAAATCATCG AATACAGAAC TTAAAAAGC TGAAATCAA	1560
15	TATAAACGTA CAAATCAACG TAAACAAGAT GCGTATCAAA AACTTAAACA GTTGAGAGAT	1620
	GCAGAACAAA AGCTTAAAGAA TAGTAACCAA GCTACTACTG CACAATAAA AAGAGCAAGT	1680
20	GACGCTTACA GAAGCAGTCC GCTAAGCATA AAGCACTTGT TGAACAATAT AAACAAGAAG	1740
	GCAATCAAGT TCAAAAATA AAAGTGCAAA ATGACAATCT TTCAAATCA AATGATAAAA	1800
	TTGAAAGTTC TTACGCTAAA ACTAATACTA AATTAAAGCA AACAGAAAAA GAATTTAATG	1860
25	ATTTAAACAA TACTATTAAG AATCATAGCG CTAATGTCGC AAAAGCTGAA ACAGCTGTTA	1920
	ATAAAGAAAA AGCTGCTTTA AATAATTTGG AGCGTTCAAT AGATAAAGCT TCATCCGAAA	1980
	TGAAGACTTT TAACAAAGAA CAAATGATAG CTCAAAGTCA TTTCGGTAAA CTGCAAGTC	2040
30	AAGCGGATGT CATGTCAAAG AAATTTAGTT CTATTGGAGA CAAAATGACT TCCCTGGGAC	2100
	GTACAATGAC GATGGGCGTA TCTACACCGA TTACTTTAGG TTTAGGTGCA GCATTAAAAA	2160
	CGAGTGCAGA CTTTGAAGGG CAAATGTCTC GAGTTGGAGC GATTGCACAA GCAAGCAGTA	2220
35	AAGACTTAAA AAGCATGTCT AATCAAGCGG TTGACTTAGG AGCTAAAACA AGTAAAAGTG	2280
	CTAACGAGT TGCTAAAGGT ATGGAAGAAT TGGCAGCTTT AGGCTTTAAT GCCAAACAAA	2340
	CAATGGAGGC TATGCCAGGT GTTATCAGCG CAGCAGAGC AAGTGGTGCA GAAATGGCTA	2400
40	CAACTGCAAC TGTAATGGCT TCAGCGATTA ACTCTTTCGG TTAAAAGCA TCTGATGCAA	2460
	ATCATGTTGC TGATTTACTT GCGAGATCAG CAAATGATAG TGCTGCAGAT ATTCAATATA	2520
	TGGGAGATGC ATTAAAATAT GCAGGTACTC CAGCAAAAGC ATTAGGAGTT TCAATAGAGG	2580
45	ACACTTCTGC AGCAATTGAA GTTTATCTA ACTCAGGTTT AGAGGGGTCT CAAGCAGGTA	2640
	CTGCATTAAG AGCTTCGTTT ATTAGGCTAG CTAATCCAAG TAAAAGTACA GCTAAGGAAA	2700
50	TGAAAAAATT AGGTATTCAT TTGTCTGATG CTAAAGGTGA GTTTGTTGGA ATGGGCGAAT	2760
	TGATTAGACA GTTCCAAGAT AACATGAAAG GCATGACGAG AGAACAAAAA TTAGCAACAG	2820

55

	CAGATAAAAT TAATAGCTAT AGCAAATCAT TGAAGAACTC TAATGGTGAA AGTAAAAAAG	2940
	CAGCTGATTT GATGAAAGAT AACCTCAAAG GTGCTCTGGA ACAATTAGGT GGCGCTTTTG	3000
5	AATCGTTAGC AATTGAAGTT GGTAAAGATT TAACGCCTAT GATTAGAGCA GGTGCGGAAG	3060
	GATTAACAAA ATTAGTTGAT GGATTTACAC ATCTTCCTGG TTGGGTTAGA AAGGCTTCGG	3120
10	TAGGCTTAGC AATTTTTGGT GCATCTATTG GTCCTGCTGT TCTTGCTGGT GGCTTATTAA	3180
	TACGTGCAGT TGGGAGCGCG GCTAAAGGCT ATGCATCATT AAATAGACGC ATTGCTGAAA	3240
	ATACAATTCT TTCTAATACC AATTCAAAAG CAATGAAATC TTTAGGTCTT CAAACATTAT	3300
15	TTCTTGGTTC TACAACAGGA AAAACGTCAG AAGGCTTTAA AGGATTAGCC GGAGCTATGT	3360
	TGTTTAATTT AAAACCTATA AATGTTTTGA AAAATTCTGC AAAGCTAGCA ATTTTACCGT	3420
	TCAAACTTTT GAAAAACGGT TTAGGATTAG CCGCAAAATC CTTATTGCA GTAAGTGGAG	3480
20	GCGCAAGATT TGCTGGTGTA GCCTTAAAGT TTTTAACAGG ACCTATAGGT GCTACAATAA	3540
	CTGCTATTAC AATTGCATAT AAAGTTTTTA AAACCGCATA TGATCGTGTG GAATGGTTCA	3600
	GAAACGGTAT TAACGGTTTTA GGAGAAACTA TAAAGTTTTT TGGTGGCAAA ATTATTGGCG	3660
25	GTGCTGTTAG GAAGCTAGGA GAGTTTAAAA ATTATCTTGG AAGTATAGGC AAAAGCTTCA	3720
	AAGAAAAGTT TTCAAAGGAT ATGAAAGATG GTTATAAATC TTTGAGTGAC GATGACCTTC	3780
	TGAAAGTAGG AGTCAACAAG TTAAAGGAT TTATGCAAAC CATGGGCACA GCTTCTAAAA	3840
30	AAGCATCTGA TACTGTAAAA GTGTTGGGGA AAGGTGTTTC AAAAGAAACA GAAAAAGCTT	3900
	TAGAAAAATA CGTACACTAT TCTGAAGAGA ACAACAGAAT CATGGAAAAA GTACGTTTAA	3960
	ACTCGGGTCA AATAACAGAA GACAAAGCAA AAAAAGTTTT GAAAATTGAA GCGGATTTAT	4020
35	CTAATAACCT TATAGCTGAA ATAGAAAAAA GAAATAAAAA GGAAGTCTGAA AAAAGTCAAG	4080
	AAC TTATTGA TAAGTATAGT GCATTCGATG AACAAGAAAA GCAAAACATT TTAAGTAGAA	4140
	CTAAAGAAAA AAATGACTTG CGAATTAAAA AAGAGCAAGA ACTCAATCAG AAAATCAAAG	4200
40	AATGAAAGA AAAAGCTTTA AGTGATGGTC AGATTTTACA AAATGAAAGA AAAGAAATTG	4260
	AAAAGCTTGA AAATCAAAGA CGTGACATCA CTGTTAAAGA ATTGAGTAAG ACTGAAAAAG	4320
45	AGCAAGAGCG TATTTTAGTA AGAATGCAAA GAAACAGAAA TGCTTATTCA ATAGACGAAG	4380
	CGAGCAAAGC AATTAAAGAA GCAGAAAAAG CAAGAAAAGC AAGAAAAAAA GAAGTGGATA	4440
	AGCAGTATGA AGATGATGTC ATTGCTATAA AAAATAACGT CAACCTTTCT AAGTCTGAAA	4500
50	AAGATAAATT GTTAGCTATT GCTGATCAAA GACATAAGGA TGAAGTAAGA AAGGCAAAAT	4560
	CTAAAAAAGA TGCTGTAGTA GACGTTGTTA AAAAGCAAAA TAAAGATATT GATAAAGAAA	4620
55		

EP 0 786 519 A2

GTTGGTGGTC TAACTTTAGA GAAGACCAAA AGAAGAAAAG TGATAAATAC GCTAAAGAAC 4740
 AAGAAGAAAC AGCTCGTAGA AACAGAGAAA ATATAAAGAA ATGGTTTGGA AATGCTTGGG 4800
 5 ACGGCGTAAA AACTAAAAC TGTGAAGCCT TTAGTAAAAT GGGCAGAAAT GCTAATCATT 4860
 TTGGCGGCGA AATGAAAAAA ATGTGGAGTG GAATCAAAGG AATTCCAAGC AAATTAAGTT 4920
 CAAGTTGGAG CTCAGCCAAA AGTTCGTAG GATATCACAC TAAGGCTATA GCTAATAGTA 4980
 10 CTGGTAAATG GTTTGGAAAA GCTTGGCAAT CTGTTAAATC GACTACAGGA AGTATTTACA 5040
 ATCAAATAA GCAAAAGTAT TCAGATGCCT CAGATAAAGC TTGGGCGCAT TCAAAATCTA 5100
 TTTGGAGAGG CACATCAAAA TGGTTTAGCA ACGCATATAA AAGTGCAAAG GGTGGCTAA 5160
 15 TAGATATGGC TAATAAATCG CGCTCGAAAT GGGATAATAT TTCTAGTACA GCATGGTCTA 5220
 ATGCAAAATC CGTTTGAAAA GGAACATCGA AATGGTTTAG TAACTCATAA AAATCTTTAA 5280
 20 AAGGTTGGAC TGGGGATATG TATTCAAGAG CCCACGATCG TTTTGATGCA ATTTCAAGTT 5340
 CGGCATGGTC TAACGCTAAA TCAGTATTTA ATGGTTTTAG AAAATGGCTA TCAAAAACAT 5400
 ATGATTGGAT TAGAGATATT GGTAAAGACA TGGAAGAGC TGCGGCTGAT TTAGGTAAAA 5460
 25 ATGTTGCTAA TAAAGCTATT GCGGTTTGA ATAGCATGAT TGGCGGTATT AATAAAATAT 5520
 CTAAAGCCAT TACTGATAAA AATCTCATCA AGCCAATACC TACATTGTCT ACTGGTACTT 5580
 TAGCAGGAAA GGGTGTAGCT ACCGATAATT CAGGAGCATT AACGCAACCG ACATTTGCTG 5640
 30 TATTAAATGA TAGAGTTTCT GGAAACGCCC CAGGTGGTGG AGTTCAAGAA ATAATTCACA 5700
 GGGCTGACGG AACATTCCAT GCACCCCAAG GACGAGATGT GGTGTTTCCA CTAGGAGTTG 5760
 GAGATAGTGT AATAAATGCC AATGACACTC TGAAGTTACA GCGGATGGGT GTTTTGCCAA 5820
 35 AATTCCATGG TGGTACGAAA AAGAAAAAAT GGATGGAACA ACTTACTGAA AATCTTGGTA 5880
 AAAAAGCAGG GGAATTCGGT TCTAAAGCTA AAAACACAGC TCATAATATC AAAAAAGGTG 5940
 CAGAAGAAAT GGTGAAGCG GCAGGCGATA AAATCAAAGA TGGTGCATCT TGGTTAGGCG 6000
 40 ATAAATCGG CGATGTGTGG GATTATGTAC AACATCCAGG GAAACTAGTA AATAAAGTAA 6060
 TGTGAGTTT AAATATTAAT TTTGGAGGCG GACTAACGCT ACAGTAAAAA TTGCTAAAGG 6120
 CGCGTACTCA TTGCTCAAAA AGAAATTAGT AGACAAAGTA AAATCGTGGT TTGAAGATTT 6180
 45 TGGTGGCGGA GCGATGGAA GCTATCTATT TGACCATCCA ATTTGGCAAA GGTGGGAG 6240
 TTACACAGGT GGAATTAAT TTAATGGCGG TCGTCACTAT GGTATCGACT TTGGTATGCC 6300
 50 TACAGGAACG AACATTATG CTGTTAAAGG CGGTATAGCT GATAAAGTAT GGAATGATTA 6360
 CGGTGGCGGT AATTCTATAC AAATTAAGAC CGGTGCTAAC GAATGGAAT GGTATATGCA 6420

55

	ATCAGGTGCT ACAGGTAATT TCGTTAGAGG AGCACACTTA CATTTCCAAT TGATGCAAGG	6540
	GTCGCATCCA GGGAAATGATA CAGCTAAAGA TCCAGAAAAA TGGTTGAAGT CACTTAAAGG	6600
5	TAGTGGCGTT CGAAGTGTT CAGGTGTTAA TAAGGCTGCA TCTGCTTGGG CAGGCGATAT	6660
	ACGTCGTGCA GCAAAACGAA TGGGTGTTAA TGTTACTTCG GCTGACGTAG GAAATATCAT	6720
	TAGCTTGATT CAACACGAAT CAGGAGGAAA TGCAGGTATA ACTCAATCTA GTTCGCTTAG	6780
10	AGACATCAAC GTTTTACAGG GCAATCCAGC AAAAGGATTG CTTCAATATA TCCCACAAAC	6840
	ATTTAGACAT TATGCTGTTA GAGGTCACAA CAATATATAT AGTGGTTACG ATCAGTTATT	6900
	AGCGTTCTTT AACAAACAGAT ATTGGCGCTC ACAGTTTAA CCAAGAGGTG GTTGGTCTCC	6960
15	AAGTGGTCCA AGAAGATATG CGAATGGTGG TTTGATTACA AAGCATCAAC TTGCTGAAGT	7020
	GGGTGAAGGA GATAAACAGG AGATGGTTAT CCCTTTAACT AGACGTAAAC GAGCAATTCA	7080
20	ATTAAGTAA CAGGTTATGC GCATCATCGG TATGGATGGC AAGCCAAATA ACATCACTGT	7140
	AAATAATGAT ACTTCTACAG TTGAAAAATT GTTGAAACAA ATTGTTATGT TAAGTGATAA	7200
	AGGAAATAAA TTAACAGATG CGTTGATTCA AACTGTTTCT TCTCAGGATA ATAACTTAGG	7260
25	TTCTAATGAT GCAATTAGAG GTTTAGAAAA AATATTGTCA AAACAAAGTG GGCATAGAGC	7320
	AAATGCAAAT AATTATATGG GAGGTTTGAC TAATTAATGC AATCTTTTGT AAAAAATCATA	7380
	GATGGTTACA AGGAAGAAGT AATAACAGAT TTTAATCAGC TTATATTTTT AGATGCAAGG	7440
30	GCTGAAAGTC CAAACACCAA TGATAACAGT GTAACATTA ACGGAGTAGA TGGTATTTTA	7500
	CCGGGCGCAA TTAGTTTTGC GCCTTTTTCA TTAGTATTAA GGTGTTGCTA TGATGGTATA	7560
35	GATGTTATAG ATTTAAATTT ATTTGAGCAT TGGTTTAGAT CTGTGTTTAA TCGCAGACAT	7620
	CCTTATTATG TTATTACTTC TCAAATGCCT GGTGTTAAAT ATGCAGTGAA TACAGCTAAT	7680
	GTTACATCTA ATTTAAAAGA TGGTTCTTCA ACTGAAATTG AAGTAAGTTT AAATGTTTAT	7740
40	AAAGGGTATT CTGAATCAGT TAATTGGACC GATAGCGAGT TCTTATTCGA CTCTAATTGG	7800
	ATGTTTGAAA ATGGAATTCC TCTTGATTTC ACACCTAAAT ATACTCATAC ATCAAATCAA	7860
	TTTACTATTT GGAACGGTTC TACTGATACG ATAAATCCAC GATTCAAGCA CGATTTGAAA	7920
45	ATATTAATTA ATTTAAATGC GAGTGGAGGA TTTGAACTGG TTAATTATAC AACAGGTGAT	7980
	ATTTTAAAGT ACAACAAAAG TATAGATAAA AACACTGATT TTGTTTAGA TGGTGTGTAT	8040
	GCATATCGAG ATATAAACAG AGTGGGAATT GATACAAATA GAGGCATTAT AACATTAGCG	8100
50	CCAGGTAAAA ATGAATTTAA GATTaAAGGA GACGTCAGTG ATATTAAAAC TACATTTAAG	8160
	TTTCCTTTTA TTTATAGGTA GGTGATTTAA TGGATTATCA TGATCATTTA TCAGTAATGG	8220

55

ATTATGAACT GAATGAAGCT AGGTACATCA CCTTTACAGT TTATAGAACT ACTCATAATA 8340
 GTTTTGT TTTT TGATTTIATTG ATTTGTGAAA ACTTCATAAT TTATCATGGT GAAAAATACA 8400
 5 CAATTAAGCA GACAGCGCCA AAGGTTGAAG GTGATAAAGT TTTTATTGAA GTTACGGCAT 8460
 ATCACATAAT GTATGAATTT CAAAATCACT CAGTGGAAATC AAATAAGCTT GATGACGACA 8520
 GTAGCGAAAC TGGTAAAACG CCAGAATACT CTTTAGATGA GTACTTAAGA TATGGATTG 8580
 10 CAAATCAAAA AACGTCAGTC AAGATGACCT ATAAAATAAT TGGAGATTTT AAAAGAAAAA 8640
 TACCAATTGA TGAATTAGGT AATAAAAAATG GCTTAGAATA TTGTAAAGAA GCAGTAGATT 8700
 TGTTTGGTTG TATTATTTAT CCAAATGATA CGGAGATATG TTTTATTCTT CCTGAAACAT 8760
 15 TCTATCAAAG AAGCGAAAAA GTAATAAGGT ATCAATATAA TACTGATACT GTGTCTGCTA 8820
 CTGTCAGTAC GTTGAATTA AGAACAGCTA TAAAAGTTTT TGGGAAAAAG TACACAGCCG 8880
 20 AGGAAAAGAA AAATTATAAT CCTATTAGAA CAACTGACAT TAAATATTCA AATGGTTTTA 8940
 TAAAAGAAGG TACTTATCGT ACCGCAACAA TTGGGTCTAA AGCTACTATT AACTTTGATT 9000
 GCAAGTATGG TAATGAAACA GTTAGATTTA CAATAAAAAA GGGCTCTCaA GGTGGAATAT 9060
 25 ATAAGTTGAT TTTAGACGGC AAGCaAATTA AGCaAATTTT TGTTTTGTCT AAGTCGGTTC 9120
 AGTCTGAmAC AATAGATTTA ATaAAAAATA TTGATAAAGG CAAGCACGTT TTAGAAATGA 9180
 TATTTTTTrGG AGArGrCCCC AAAAATAGAA TTGATATATC TTCAAATAAA AAAGCTAAGC 9240
 30 CTTGTATGTA TGTTGGAAC TAAAAATCAA CAGTCTTAAA TTTAATTGCT GACAACTCAG 9300
 GTCGCAATCA ATACAAAGCA ATTGTTGaCT ACGTCGCAGA TAGTGCAAAG CAGTTTGGGA 9360
 TTCGATATGC TAATACGCAA ACAAATGAAG ATATCGAAAC ACAGGATAAG CTGTTAGAAT 9420
 35 TTGCAAAAAA GCAAATAAAT GATACTCCTA AGACTGAATT AGATGTTAAT TATATAGGTT 9480
 ATGAAAAAAT AGAGCCAAGA GATAGCGTAT TCTTTGTTCA TGAATTAATG GGATATAACA 9540
 CTGAATTAAA GGTTGTTAAA CTTGATAGGT CACATCCATT TGTAACGCA ATAGATGAAG 9600
 TGTCTTTCAG CAATGAAATA AAGGATATGG TACAAATTCa ACAAGCGCTT AACAGACGAG 9660
 TTATTGCACA AGATAATAGA TATAACTATC AAGCAAATCG TATAAATCAT TTATACACTA 9720
 45 GTACTTTGAA TTCTCCTTTC GAGACAATGG ATATAGGGAG TGTATTAATA TAATGGCAAC 9780
 AGAAGAAGTT AAAATCAAAG CGCTACTTGA AAACGATAAA C 9821

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 471:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1017 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 471:

5 TTATTGTTTT CCAAATGGTC TTCTCGGTTA TTAAACCATC GGTTC AATC CTACGTGCTT 60
 CACTTTCTAT CATTAAATTC AATTTCAGCT TGACCACCCG CTGTATAAAG GGTCAAAGTT 120
 GCTAATCGAT AGCGTCTCAT TATAGGACCA ACATCGATAT CAATATTTTG AATACGAAAA 180
 10 TATGGTATTA CCTTTTCATC CAAAAATAAA ATGCCGTTTC GTACACGCAA ATGGTGTTTT 240
 TCAAATGCAT ATCTGCAGTG CTTATATCGA TAGACTGGCG CTATAACAAG CGTGAAAAACA 300
 GCAACAAGTA ATATTATAAT CACACTACTA ACAATGGATA AATGGTTATC TAAAACTCC 360
 15 CAAAATAGCC AGTTCAAAAT ATTAAATGCG ATTAAAGTA CAAGCGCTAT GGGTATCCAA 420
 AACAGCACAG CACTTAACCT CATCACTTTT TTAGCGTGTG GTGACATAAA ATTATAATCC 480
 CTCATCATTT TCACCTCTTA AATACCATGA TTTCAATTTA TTTGCATCTT CACTTCTTGC 540
 20 GTATTTTAAG TTAATCGATT GGGCTCCAC ACCTTTAGCA ACAATAAAGC TAAAATTATT 600
 TAAATTGTTG CGTTAAGTA ATGTATGTTG CCAAGTGTC AATCCTATAA TGTGATGCGC 660
 TTTAAAATAA TAAATATTTT GTTCAATAG CTCGAAATTC TGGATAGTAA TTTGTTCTTC 720
 25 TGTCATTTTA AAACCCGCAT GTTTGACATA AAGATATCCT TTGATCACAA ATAAACCAAT 780
 AATGACTATT GTTATAATCG TAAATAACAA TAATAATTGA TTCCAAAAAT AACAGCCTAT 840
 30 ACCTGCCATA GCTATGACAA TAATACTAGG TATTAAAAAG TGTCTGTGGA AACCTGACAA 900
 AGGCATACCT TCATTAACTT GTTGATAAGA TAAATCTGGT ACTAAATTCT GGATAATTTG 960
 ATATGCTTTG TCTCGTTTAA TAAACGGCaA TATCGGCACA CTACCTGAAT CATTGTC 1017

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 472:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 6806 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 40 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 472:

45 TAGGATTGAT TAATCCTTTC TTCAAAATGA TGAATGTGTA ATGTTAAATA TATAATTTCA 60
 GACTCACTGA TATTAACATC AAATTGTTTT TGTATCATAG TTAAAATTTT ATATGCTGTG 120
 50 TTATAGCAAA TCGGATAGTG ATTTTAAATC ATAGACACAA AATCATCTTG TGCATGTATA 180
 TATTCTTTTC TTCTTAATCG GCGAATTAAA AATTGTACGT GCCTTATAAA ACGTTGGTAT 240

55

TTAATAACAT TATTnGATCA AGGTCATCTC ATGCATAGAT AAATCTTCTG TATTaGATGC 360
 AATATGTAAT GCAATAAATC CTATCTCATC TTCAGGaAAA TGTaCATCTA ATGCTGCATT 420
 5 TAACTGATCA ATCACCTGTT TAGCAATATG ATATGCATCA CTATATAACT GCATAGTTTC 480
 CATAACAAAT GGATTGCTAA TAACTTGATT TTGTTTTAAG CGTTTATAAG CAAATATAAT 540
 ATGATCCGTT AATGAAACTA CAAGTTGTTT TGAATCAACA TTCATCGCAG TATTAGAAAT 600
 10 AAAATTCAAC GAATCAATAA TTACTTGTA TACATTATCA TCAGCGATT CAACTAAACT 660
 TTTATAATGT GCTTTTTGTT GCTCACTTTC TAATTTATAA ATTTTCTCTA TTGTAATAGT 720
 TTGGTCGTTT AACGCCATTC CCTCTTTTTT GTTAAACCA ATACCTTTAC CGATTAAAAT 780
 15 AACTTCTTGA TCATTATTAG TACATACTAC GACATTGTTG TTCAATGTTT TAGTAACAAT 840
 ATATTCTCCC ATTATCATCA CCTATTTTTC TATTATTAAG ATTATATATC GGAAATGTCT 900
 AACTTGAAAG TATAATAATT TAAATACTTG TGTTCTATTA CACGCCTATC CTATATGATA 960
 20 TATCTTAATT TAATTTGAT GTCTCTCAA GTGGAATAAC TATAATAAAA AAATCTGACT 1020
 CCCATATTTA CAAATAATTC TATTTATTTA TATATTATCT GAATTAATAC TCAATACAAA 1080
 25 CTAAAACGTA CTATTAAATT GTGCAAAGCT AAAACAAATT TATATTCATC TATCCAACAA 1140
 TATGTCTTAT CAATGGTATA GTCTTTGCAC ACCAATGGAG GAAATAAATC TCAACCTTAC 1200
 TATATTAATA TATAATCAAA TCTTAGATTA ACTAGTGTA TGATACAGAT GATAATTGAG 1260
 30 TACAAATTTA AAACCCTGAG ATTTTCGCTT TAATTTGAAA ACCTCAGGGT TTATTGATT 1320
 TTTATATAAT GAATCGTTAC ATTAAAAATA TTTATTATC AGAGTCTTA TATTGTAG 1380
 CGCCCCAAGC ACTAATTCCA AATAAGTTAA TTTCTAAGTT TTCAGGTTA AAGACAGGGT 1440
 35 TCTTGCCTTC TTTTTCTGC TTTTGATAAT CTTTCATCAA TGCAAAGCT ACATTGGACA 1500
 GTCCTATAAT GGAAATAATG TTTACAATTG CCATTAAGCC CATAAATAAG TCTGCCGTAT 1560
 TCCATACTGT TTCTGTTTTT ACAACTGCAC CGACAAAGAC AAGTACTACA ACAAGACATC 1620
 40 TAAAGATAAA TAATATTACA CGGTTTGTG ATAAAAATTC AATATTAGAT TGACCGTAAT 1680
 AGTAATTACC TACAACAGAT GAAATGCAA ACAGTGTAAC tGCTaTTGTT AAGAAAATAC 1740
 45 CTCCAGCAGA ACCTAAATGC TCATTAAGTG CTGATTGAGT AACTGCAACA CCTTGAGGTG 1800
 CGTTATCACC AAATTTAGT CCTGAATATA GTAAATCAT GATTGCAGT GCTGTACAAA 1860
 CCAACATTGT ATCAAAGAAC ACACCTAATG ATTGGATTAA ACCTTGCTTA ACAGGGTGTG 1920
 50 GTACGGCAGC AGTTGCCGCT GCATTCGGCG CAGAACCCAT ACCAGCTTCG TTAGAGAATA 1980
 AACCACGTTT GATACCTTGA AGAACCGCAG CACCTACAGC GCCACCAGT ACTTGTTCTGA 2040

55

	GCAATATTAC TAAAACCATA CCAATGTAAA TGATAGCCAT AATCGGTACA ATTAACGAAG	2160
	ATAACGTAGC AATACTACGT ACACCACCAA ATATAATAAT AGCTGTTACG ATTGCTAAAA	2220
5	TAATACCTGT GATTACTGGA CTAATATTAT ATTGCGTATT TAACGACTCC GCAATTGTAT	2280
	TAGATTGCAC TGTGTTAAAT ACAAATGCAA ATGTAATTGT AATTAAAATC GCAAATACGA	2340
	TACCTAGCCA TTTTGTATTT AAACCTTTAG TAATATAGTA AGCTGGACCA CCACGGAATC	2400
10	CACCATCTTT ATCATGTACT TTATAAACCT GAGCCAAAGT CGCTTCTATA AATGCACTCG	2460
	CTGCACCTAT AAATGCAATA ACCCACATCC AAAATACTGC ACCTGGACCG CCTAAAACAA	2520
	TCGCAGTCGC AACACCAGCA ATATTACCAG TACCAACTCT CGAACCAGCA CTAATCGCAA	2580
15	ATGCTTGGA TGGCGAAATA CCCTTCTTAC CATCTTCTAA AGTTTCTGGA CGTTCTACTA	2640
	AAGCTCTAAA CAITTCAGGT AACATTCGTA ATTGAACGAA TTTAGAACTA ATCGTAAAGA	2700
20	AGAATCCAGC TGTCAATAAT AGACCAATTA AATATTGAGA CCATATTAAA TCGGTACCAA	2760
	CATGGACAAA TTCTTTAAAC CATCCAGGTA TTAACTATC GAAATCTTTC AAAATAAACC	2820
	CCTCGCATCC TCTACATGAA TCATGTACCT TCTATAAAAT TAGACCGAAT TGAACCTTCA	2880
25	GTAAATATAG AGATACATCA TCATTCTTCA TACAATACAA GAGATTTATA TTAGTTTGGT	2940
	CAAAGTATAT CGCTAATTTA ACGATAAGTA CTGGTCAGC ATTTAATATA AATCCCTTGA	3000
	ATTTAGTCAA AATTTAACAT TACTGTATTT TATCATTTAA TTTCGTGATT GCATATAGTT	3060
30	TTTAGCTAAT ATACATGTCT ATTACTTCAC CAAAATCATC TGTATCTACA ATGAATGAGC	3120
	CATTGTGATA TTGTTTCAGAT TTATGAATAT CATTAAATTA ACCATGTTCT TCATTGATT	3180
	TTGAATATAA TGTATATTGA CTATGTTTAC CTGTCACTAC ATGTGCAGCT ACAATACGAT	3240
35	GTGGATTTTT CTTTAATTCT TTTAATAAAG TTATTCCaCG TTGTGCTCTT TTAGCAACTT	3300
	GTAAGATTTT AAAACTAATA CGTTTAAACG AGCCGCGTTG TGTGGCCATC AATATAGTAT	3360
	CATTTTCAGA AACACCTTCT GTCATAACAA CGAAATCTTC AGCTTTAAGA TTTATTGATT	3420
40	TAACACCAGC TGCCCTTAAT CCGGTATCTG ATAGTTCACT TGTATTATAC GTTAATGACA	3480
	TACCTTTATT AGTAATGACG GTAATTAATT GATCTTTTTT AAAGCGCATA AACTAATCA	3540
45	AATCATCATT TTCTTTAACT TTAGTAGCAA TTAAAGGTTT ATTAAAACGC GTTGTTTTAA	3600
	ATAGAGGCAC TGTACTTTTC TTAATCATGC CATTTTGAGT CGCAAAAACA TAAAATGCAT	3660
	CTGTATTAAA GTCCTTTTCA TTAAAGACAT TAATAACCAC TTCATCTTCT TCGATAGGAA	3720
50	CTATTTGTGA TACATGTTGT CCCAATTCTT TCCAACGAAT ATCTGCTAAT TTATGAACCG	3780
	GTATAAATAG ATAACGACCT TTATTTGTAA ATACTAGTAC GGTATCTTGC GTATTTACTT	3840

55

	TAAAGCTACG AATAGAAGTA CGTTTAATAT ATCCATGACG TGTCACTACTT AAAATAACTy	3960
	CTTCACTAGG CACCATAACT TCTTTGTCAA TTTTAATTC TTCAATTTCT GCTTCAATTA	4020
5	AAGACAGTCG TTCAGATTG AATTTCTTTT TAATTTTCATT CAATTCCTCT TTTATGACAT	4080
	TCAATAATGC ATCATGGTTA TCAAGAATAT GACGTAATTG TTTGATTAAT GCTTCAAGTT	4140
	CTTTATGTTT ACCTTCAAGC GCAACTATGT CAGTATTTGT TAAACGATAT AACTGTAACA	4200
10	TTACAATTGC TTCAGCCTGT TCTTCTGTGA ACTCGTATAC TTCGATAAGG TTTTCTTTAG	4260
	CGTCACGCTT GTTTTTAGAG CWACGAATCA ATTTCGATTAC TTTATCTAAA ATTGACAACG	4320
	CTTTAATCAA ACCTTCAACG ATATGCATAC GTTTTTCTGC ATTATCTAAT TCAAACCTCG	4380
15	TTCTATTTGC AACAACTCA ATTTGGTGAT TCAAATAACT ATCTATAATT TGACGAATAC	4440
	CCATCAATTT TGGACGACCA TCACTAATAG CGACCATGTT GAAATTATAT GAAATCTGTA	4500
20	AATCAGAGTT TTTATAAAGA TAATTTTGA TTGATTCAT GTTCACATCT TTTTCAATT	4560
	CAATTGCTAT TCGTAAACCA GTTCTATCAG TTTTCATCAG TACTTCAACG ATACCATCGA	4620
	CTTTTTTGTC AGCACGTAAT TCATCGATAC GTTTTACTAA GCTACTTTTG TTCACTTCAT	4680
25	ATGGAATTC AGTAATAATT AACTGTTTAC GTCCATTGCG TAAAGTTCT TCTTCAACTT	4740
	TAGAACGAAC TATAATTCTA CCTTTACCTG ATTCATAAGC TTTTTTAATA CCATCAATAC	4800
	CTTGAATAAT ACCACCAGTT GGAAAATCAG GACCTTTAAT ATATTTTCATT AATTGATTGA	4860
30	CTGTAATATC CGGATTATCA ATATATTTAA GTGTTGCTTG AATCACTTCA GCTAAATTAT	4920
	GTGGTGGTAT ATCTGTCGCG TAACCTGCAG ATATACCTGT AGAACCATT ACTAGTAAGT	4980
	TAGGAAATCT TGATGGCAAT ACCATTGGTT CGAGTGTCGT ATCATCATAG TTTGGAATGA	5040
35	AAGAACTGT CTCTTTATTA ATATCACGTA ATAACCTTC AGCTAGTAAG CTTAACTTAG	5100
	CTTCAGTGTA ACGCATTGCC GCTGGCGGAT CATTATCGAT ACTACCATTA TTACCATGCA	5160
	TTTCTATTAA GACATGTCGT AACTTCCAGT CTTGACTTAA ACGGACCATT GCTTCGTACA	5220
40	CTGAGGAGTC TCCATGTGGA TGATATTGAC CAATAACATC ACCGACTGTT TTCGACTTT	5280
	TACGGAAATT TTTATCGTGT GTATTACCAC TTGAATACAT TGCATATAAA ATACGACGTT	5340
45	GTACTGGTTT TAAACCATCA CGAACATCTG GCAATGCACG CTCTTGAATA ATATATTTAC	5400
	TATATCTTCC AAAGCGATCA CCTAAAACAT CTTCAAGTGA TAAATCTTGA ATTATTTAC	5460
	TCACTAGATT TCCTCCTCAT CAAATTGATC ATTTTCAAGC ACTTGACTT CAGAATTATC	5520
50	TAAAATACTT TGGTCCTCTT GCATACCAA CTCAACATGC TTTTCAATCC ATTCACGTCT	5580
	AGGTTGTACT TTGTCACCCA TTAATGTTGT TACACGTTTA GATGAACGCA CTTCACTTC	5640

55

	AGGGTTCATT TCACCCAAAC CTTTGTAACG TTGTAACGTG AaGCCTTTAC CAAGTTCTTT	5760
	TTGCAATTTA TTAAGCTCTT CGTCTGTCCA AGCGTATTCA ACTCGCTTTG TTTTGCCTTT	5820
5	ACCTTTTTCC AATTTATAAA GTGGAGGTAA AGCAATAAAT ACACGACCTG CTTGAACAAG	5880
	CGGTTTCATA TATTTGAAGA AGAATGTAA CAATAGCACT TGAATATGCG CACCATCAGT	5940
	ATCAGCATCA GTCATAATAA TTACACGATT ATAATTACTA TCTTCAATTT TAAAGTCAGT	6000
10	ACCAACGCCT GCCCCGATTG TGIGGATAAT TGTATTAATT TCTTCATTTT TAAAAATATC	6060
	TTCTAGACGT GCTTTCTCTG TATTAATTAC CTTACCACGT AATGGTAATA TCGCTTGAA	6120
	TTTGCGGTCT CGTcCAAGTT TTGCTGAACC TCCCGCAGAA TCACCTTCGA CTAAATACAA	6180
15	TTCAATTTTT TCAGTGTTTT TACTTTGTGC AGGTGTAAAT TTACCAGATA GCAAAGTGTC	6240
	TTTACGCTTG TTTTTCTTAC CTGAACGAGC ATCTTCACGA GCTTTACGTG CAGCTTCCCT	6300
	TGCTTGTTGT GCTTTAATCG CTTTTTTCAC AAGTGATTTA GACAATTGTC CTTTTCTTC	6360
20	TAAATAGAAT GGCAATTTGT CTGCAACAAC TGAATCAACA GCACTTCTAG CTTCAGAAGT	6420
	ACCCAATTTA GATTTCTGTTT GTCCTTCAAA TTGCAATAAT TCTTCTGGAA TACGAACAGA	6480
25	CACAACAGCT GTTAAACCTT CACGAATATC ATTACCATCT AAGTTTTTAT CTTTTGTTTT	6540
	AAGTTCATTA ATACGACGTG CATAATCATT AAATACACGT GTCATTGCTG TTTTAAAACC	6600
	AACTTCATGT GTACCACCAT CTTTAGTACG TACATTATTT ACAAACCTTA AAATACTTTC	6660
30	TGAATATTGA TCATTATATT GGAAAGCTAC GTCTACCTCT ATACCATTG CTTACCTGA	6720
	AAATGTAGCC ACGTCATGCA AAACCTCTTT TCCTTCATTG ACATAACTAA CAAACTCTTT	6780
	GATTCCTTCT TATAATGGTA TGTCTT	6806

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 473:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1716 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 473:

45	GGGGCAaAAA TTCCAATACA CTCATTACCA AATATATACA CCACTTCCTG CTACAAGTnn	60
	TTTTACTTGA TCTTGGTCTT TTCCGCAGAA AGAGCATTTT CAAATTTTCT TCATCTTCCA	120
50	TTGAATTTAA ACATTCTTTT TACACCCCTA TTCGTTAAAG ACTATACTAG ATTGGATGTT	180
	ACAATGCAAC ATATTAACAT ACAAACTTTT TGCTTAAAGA ATAGTAGCAG ATACATAAGC	240

CCTCAACGA ACTTTGCGTT ATCTCTTAAT AAATCGATAA CTTTTTGGAT ACGAACATCA 360
 TTTTAAATGA TATCAGTATT ACCTAAAGTA TTTTGTATAT CTTCAACTGA GATATTAAAT 420
 5 TGTTTACTCA TTTTCTCTAA TTCTTTATCG ATATCTTCAT CAGTAGCTTC GATTTTTTCA 480
 GCTTCAGCGA TCGCAGTTAA AGTTAAGTTA GTTTTAACAC GTTGTTCTGC ATCGTCTTTC 540
 ATTTGCTCTC TTAATTGAGT TTCATCTTGA CCTGAGATTT GGAAGTACGT TTGTAAATCT 600
 10 AAACCTTGTT GTTGAAITCT TTGTGCAAAT TCAGACACCA TACGATCTAA TTCAGTATTA 660
 ACCATTGCTT CAGGAATATC GATTGTTGTA TTATCAGTAG CTTTTGTAAT CGCTTCTTCT 720
 TTTTCAACAT TTTCAGCATC TGTAGCTTTT TGTTTCAGCTA AACGTTTACG TAAGTTTTCT 780
 15 TTGTACTCGT CTAATGTATT TGCTTCTGCA TCTAATTCAT TAGCAATTC ATCTGTTAAT 840
 TCTGGGACTT CTTTAAATTT AATTTCTGTTA ACTTTTGTTC TGAAAGTTGC TTCTTTACCG 900
 20 GCTAATTCTT CAGCATGGTA TTCTTCTGGG AATGTTACGA CAACATCTTT TTCTTCGTCA 960
 ACTTTCATAC CTTCTAATTG CTCTTCGAAA CCAGGTATGA ATGAACCTGA ACCGATTCTT 1020
 AAATCGTAAC CTTTCAGCTTG TCCACCTTCG AATTCTTCTC CGTCAACTGA ACCACTAAAG 1080
 25 TCGATGTTAA CTGTGTCGCC ATTTTCAACA ACACCATCTT CTTTAAACGAC CATTTTCAGCT 1140
 AAATGTCCTA AGCTGTGGTC AATCGCTTCT TGTAACCTCAT CATCAGATAA TTCAGTTTCT 1200
 TGTTTTTCAA TTTCAAGACC TTTATAGTCT CCTAATTTAA CTTCTGGCTC AACTGTAACT 1260
 30 GTTGCTTCAA AAATGAAATC TTTACCTTTT TCAATTTGAG TAACACTTAC TTCTGGTTGT 1320
 GCAACTGGTT TAATATCAGT TTCGTCAATT GCTTCACCAT AAGCATCTGG TAATAAAATG 1380
 TCGATAGCAT CTGATATAA TGCTTCTACA CCAAAGCGTT GTTCAAAAAT TGGACGTGGC 1440
 35 ACTTTACCTT TACGGAATCC AGGTACGTTA ATTTGTTTAA CCACTTTTTT GAATGCTTGA 1500
 TCTAACGCTT TGTTTACTTT TTCTGCAGGA ACAGTAACAG TTAATAAACC TTCGTTACCT 1560
 TCCTTTTTTT CCCAAGTTGC TGTCTGTAT ATATACCTCC ATGATTAACT AATTTATTTT 1620
 40 TTCAACTTCC CTATTATATC ATACGTCTAT TCCCTATACA AACATTGAAA TCACAACGTT 1680
 TATATATTTG TAAATCAACT TTTTTCGTCA AAATA 1716

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 474:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 795 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

	TGACCAAGTA CGTTTCGAAG TTGCCATTAA AGCATTAAAC CCATCATTGA AAGCATTTCGC	60
	ACCTGTACGT GAGTGGGCAT GGAGTCGTGA AGAAGAAATC GATTATGCAA TTAAACATAA	120
5	TATCCCTGTA TCAATCAACC ATGATTCAAC TTATTCTATC GATCAAAATC TATGGGGCAG	180
	AGCGAATGAA TGTGGTATTT TAGAAGATCC TTATGCTGCG CCACCAGAGG ATGCGTTCGA	240
	TCTAACAAAT GCTTTAGAAG AAACACCAGA TACTGCTGAT GAAATCATTT TAACGTTTGA	300
10	TAAAGGCATC CCAGTTCAAA TTGATGGCAA AACATATGAA TTAGACGATT TAATTTTAAC	360
	GTTGAATGCA TTAGCTGGTA AGCATGGTAT CGGAAGAATT GACCATGTAG AAAATAGACT	420
	TGTAGGTATC AAATCAAGAG AAATTTATGA GGCACCTGCT GCAGAAAGTTA TTTTAAAAGC	480
15	GCATAAAGCA TTAGAAACGA TTACGTTAAC GAAAGATGTC GCACACTTTA AACCAATCAT	540
	TGAGAAGCAA TTTGCTGAAC AACTATACAA TGGACTTTGG TTCTCACCTT TAACTGATAG	600
	CTTGAAATTA TTTATTGATA GTACTCAGCA ATACGTAAGT GGTGATGTCA GAATTAAATT	660
20	ATTCAAAGGT AATGCCATCG TGAATGGTAG AAAATCACCT TACACATTAT ATGATGAAAA	720
	ATTAGCAACT TATACAAAAG AAGATGCATT TATCAAGAC GCTGCTGTTG GCTTTATCGA	780
25	TATCTATGGT TTACC	795

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 475:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

30	(A) LENGTH: 887 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
	(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 475:

	CGATTGAAAG AAGACGGTTC AGTTGAAAAG TTTCCAAAGC CAGTAATTAG CCAACAACCA	60
	GAAGGATATA CGAGTCATTT TAGAGATCCT AAAGTTTTTA AATATGATGr GaAATATTAT	120
40	GCAATCaTTG GTGcmCaAAA TAATGATCaG CaAGGTCGAT TATTACTTTA TAATACTGAA	180
	GATATAATTA ATTGGCATT TTTAGGTGAA ATAAATACAG AGTTGGATGA TTTTGGATAT	240
45	ATGTGGGAAT GCCCAGATTA CTTTAATGTA GATAATCAAG ATGTCATACT TATTTGTCCA	300
	CAAGGTATTG AACCAAAAGG CGATCAGTTC AAAAATATTT ATCAAAGTGG TTATATACTT	360
	GGAAAGTTTG ATATTGAAAA GTTAACATAT GAACATGAAA ATTTTGTCCA GCTTGATAAT	420
50	GGTTTTGATT TCTATGCACC TCAAACATTT TTAGATGAAA AAGGCCGACG AGTACTAATT	480
	GGATGGATGG GGTTACCGGA AATCGAATAT CCTACTGATA ATGAAGGATG GGCCCATTGC	540

55

GCGTTGGAAA AATTACGTCA CAATAAAGAG ACAGCATTtA GGctACGCAA ATAAATTTAC 660
 TCGAAAATTA CATCCGTATG AAGGTAAACA GTATGAATTA ATCATAGATA TTTTGGATAA 720
 5 TGATGCTACC GAAGTGTA CT TTGAATTACG TACATCTAAG ACTTCTTCAA CATTAAATTGC 780
 TTATAACAAG CGTGAAAATA AAATAACATT AGATCGCAGC GACAGTGGTT TATTGCCGAC 840
 AAATGTTGAA gGTACGACGC GTAGTACGAT ATTAGACACG CCATTAA 887

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 476:

- (1) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1183 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 476:

20 TTGGAAnCAA AAAACCATTG GTAAACCGTG TThAACCGGA TTTCCGATGG ACCTTTTAAA 60
 ACnACCAAAT AGAAAGCTTT GATAAAAGGT AATTATGGTA CTGATAACAA ACAAGTTCAA 120
 25 AAACATCATG ATTTAGTACG TATGCTTTTG ATGGATCAAG ATGGTTTTTTT AACTGAAAAT 180
 AATAAAGTTG ATCATTTCAT TGATGGAAAT GATTATATG ATCAAGTTTT AAAAGATATT 240
 AAAAATGCAA AAGAtATATC CATTAGAGT ACwATACTTT CGCTTwAGAT GGTTwAGGTA 300
 30 AAAGAATTTT ACATGCTTTA GAAGAAAAT TGAAACAAGG TCTAGAAGTA AAAATATTAT 360
 ATGATGATGT TGGATCTAAA AATGTTAAGA TGGCAAATTT TGATCATTTT AAATCGTTAG 420
 GTGGAGAAGT TGAAGCATTT TTTGCTTCAA AATTACCGTT ATTGAATTTT AGAATGAATA 480
 35 ATAGAAATCA TAGAAAAATC ATCGTAATCG ATGGTCAACT AGGTTATGTC GGAGGATTTA 540
 ACATTGGTGA TGAATATCTm GGATTAGGAA AATTAGGATA TTGGAGAGAT ACGCATTTAC 600
 GTATACAAGG GGATGCGGTT GATGCACTGC AGTTGCGATT TATTTTAGAC TGGAAATTCGC 660
 40 AAGCGCACCG TCCACAATTT GAATATGATG TTAAGTATTT CCCTAAAAAG AACGGACCAT 720
 TGGGCAATTC ACCAATTCAA ATAGCTGCAA GTGGCCCGGC TAGTGACTGG CATCAAATTG 780
 AATACGGTTA TACAAAAATG ATTATGAGTG CAAAGAAATC TGTATATTTA CAATCACCAT 840
 45 ATTTCAATTCC GGATAATTCA TATATaAATG CCATTAAAAT TGCTGCTAAA TCAGGTGTAG 900
 ATGTACATTT AATGATTCCA TGTAAGCCAG ATCATCCATT AGTATATTGG GCGACATTTT 960
 CAAATGCCTC TGACTTATTA TCAAGTGGTG TTAAAATTTA TACGTATGAA AATGGATTTA 1020
 50 TACATTCTAA AATGTGCTTA ATTGATGATG AAATCGTATC AGTGGGCACA GCAAATATGG 1080

CTAAAGATTT AAGGGTGGCT TATGAACATG ATATTACAAA ATC

1183

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 477:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2332 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 477:

GGTTATATGT TTGGTATTAC TCATTATATT GATTGGAGGT TGTGTCATTA TGACAAAAAC	60
AAATGGTCGA AACGCTCAAA TTAAAGAAAA TTCAACAAA ACATTAAGTG TATATCTAAC	120
CAAGAATCTC GATGATTTTT ACGATAAGGA AGGTTTTCGA GATCAAGAAT TTGATAAAAG	180
AGATAAAGGG ACTTGGATTA TTTATTCTGA AATGGTTATC GAACCAAAAG GGAATAATAT	240
GGAATCGAGA GGAATGGTGC TCTATATCAa TCGCAATACT AGAACmACGA AGGGTAATTT	300
TATTGTCACC GAAATAACTG AAGATAGTAA AGGATATTCA CGTAGTAAAG AAAAAAATA	360
TCCTGTCAAG ATGGAAAATA ATCGAATTAT TCCAACAAAG CCTATACCGG ATGACAAGTT	420
AAAAAAAGAG ATTGAAACT TTAAGTTCTT TGTACAATAT GGAAATTTTA AAGATTTTAA	480
AGATTATAAA AATGGTGATA TTTCATATAA TCCTAATGTG CCAAGTTATT CTGCAAAGTA	540
TCAATTGAAT AATGATGACT ATAATGTTCA ACAGTTAAGA AAACGATATC ATATTCCAAC	600
CAAACAAGCG CCCGAATTAA AATTGAAAGG ATCCGGCAAT TTAAAGGCT CATCCGTAGG	660
ATCTAAGGAT CTAGAATTTA CGTTTGTAGA AAATCAAGAA GAGAATATCT ATTTTTCAGA	720
TTCGGTCGAA TTTACACCTA GCGAGGATGA TAAATCATGA GTCAAACGGA ATATCAAATA	780
AAATCTGGCA ATATAAAAGG TAACTCTGAA GAAACAAGTA CAGTATCTAA TATAAGTTAT	840
GAAATAGAAA ACGCAAATAA CAGTGGTTTA AAACAAATA AAATTGATAA ACAAATTAAA	900
AAGTTACAAG AAAAAAATAA ATTCCCTAAA AATCTTTCAT ATCTTAAAAG TTATACGGAC	960
CCCAAAACAG GCACGACTAC AAGCGCCTTT TTAAATAAAG ACACTGGCAA AGTTACTTTA	1020
GGTATGACAG GTACTAATGT ACACAAAGAC GCAATATTAA AACAAACATT TGGTGTTTCCT	1080
TCTTATCAAG GATATATAGA CGTGAGTGAA ACgCTaAAAG ATATTGGGGC CGATGTCAAT	1140
ATTGGCCTTC ATTCCGTCAC AGATAAAGAT CCACATTATA AAAATACCCA AGACTTTATC	1200
AAAAATATCA AAAAAGACTA TGATATTGAT ATTATTACCG GACATTCGCT GGGCGGTAGA	1260
GATGCGATGA TTTTAGGTAT GAGTAATGAT ATTAAACATA TCGTTGTGTA TAATCCAGCT	1320

ATTGAAAAGT ACGATGGTCA CATTGTAAGA TTTGTGTCTG ATGAAGACGA ATTAGATGCA 1440
 GGTGTCCGCA ATCATTATA TGAACTGCT GGAGAAAAA TAGTACTTAA AAATGGAGAA 1500
 5 GGCCATGCAA TGAGTGGTAT TTTAATGAGC AGAACACAGG CTATAATCTT AGCTGAATTA 1560
 AACAAAGTTA AAGGCTACCA AGACGAAAAT AATAAAGCAT TAAAATCCGT TCGTAAACAA 1620
 ACGAGGCATA GATTACATAA AGTAGAGACG TTAAGAGCGA ATTGGATTCA AACACGGGT 1680
 10 GGATCACTCT CTCCTCCCw ACAACAATTA TTAGAAGCTT TAACAGCACT AACCATTGCC 1740
 GAAGGCTTAA ATCAATTAGT GAATGAAGAA AGCCAACATT TGAAAAAATG TATCACGCGA 1800
 TGGCACATAA ATTTGGAGAC AACTGGAAAA AAGCGCAAGA AGTTGGAAAT GAAATTGGTG 1860
 15 AAAAATTAACT CTCTGAAGAG GTTATAGATG rATTAAGAAA AGGTGGCGCG TATGAAAGTa 1920
 AACTTGAAAC AGATCCCAA AGAAAAATTG ATGATAAGAT AAAGAAATTA AATGATGTTT 1980
 ATAAAAATTG TAATGGCTAT ATCGCAAAAA TTAAACAGAG TATCGAAGCA ATTGTTTCTA 2040
 20 ATGACCAAAT GTTAGCGAGC CAGATTGATG GGATGATGTA ATGTTTACTA CGTATAAnAA 2100
 TATTAATGAA CTTGAAAATG CCTATGATGA AGAAAGAAAA CAATTGAATG ATGCATTCAA 2160
 TCAAATTGAT GAATTAAGAC ATCAAACACG CAAGAmATGT GAACAAATGT ATGATCATTT 2220
 25 CTTATATCTC AAACATAAAA TGAATTmymS TGAAGACGCT ATGATCAGGA TGACACGTAT 2280
 TATAGAATCT TTCGATAGAG AAACGAATCA ACGTATCCGA CATCACGAAA TG 2332

30 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 478:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 865 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 35 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 478:

40 TTTACTACCC AGTATCTCTT TTTATAAATT ATATAGCCAC CACATATGGT GGAAAGTCTT 60
 TTTAATTAGA ATTTTGTTTT TTCAGTTAAG AAAGCTTCTA ACTCTGAGAT TGGCATACGA 120
 45 ACTTGTTCCTA TTGAATCTCT GTCACGTAAT GTAACCTGAT TATCTTCTAA TGAATCAAAG 180
 TCGAATGTtA CACAATAAGG TGTaCCGATT TCATCTTGAC GACGGTATCT TTTACCGATA 240
 GATTGTGATT CATCGAAATC GATTGAGAAT TTAGAACTTA ATTGCTCAAA AATCTTAATC 300
 50 GtTCGCCAGA TAATTTCTTA CTAAAGGTA AAATCGCTGC TTTATATGGT GCTAATGCAG 360
 GATGGAAGTG TAAACTGTA CGTGCACTCT TACTACCTTC AACGCCTTCT TCATCATATG 420

55

GAATATATTT TTCGTTTCGTT TCTGGATCAT GGTATCTGAA ATCTTCACCA GAGTGTTCAG 540
 CATGTTTACG TAAGTCGAAG TCTGTACGAC TTGCGATACC CCATAACTCA CCCCACCAA 600
 5 ATGGGAATTT ATATTCAATA TCAGTTGTTG CATTTGAGTA ATGAGATAAT TCATCTTCAT 660
 CATGATCACG TAAACGCATA TTTTCACTGC TCATATTTAA GCTTGTTAAC CAGTCACTTG 720
 CAAAAGTTTT CCAATAATTT TGCCATTGCA TTTCTTCTCC AGGTTTACAG AAGAATTCAA 780
 10 GTTCCATTTG TtCAAATTCT CTTGTTCTGa AAATGaAGTT ACCTGGAGTG aTTTCaTTAC 840
 GGaATGaTTT ACCAATTTGG ACCGG 865

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 479:

15 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1444 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 20 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 479:

25 TAATGAGTAA ATAAGTACCA GATAAAATCA TGAATATCAT CCAACATGCG GTTAACTCTA 60
 CTAATAAATT AATAATAGTA TTTTCAGTAA ACAAAGAAGT ATGTATACTT CGCATCACAT 120
 TAGAATACGT ATGTTTCGCA TTTTGATCTG CAACAAATTG ATTGTTATGA TCTAGAAAGA 180
 30 CGTAACGTTG ATTTCTTGCC ATATCACTCA GTGTAATTCG TTTGTTATAT GGTTTCATCA 240
 GTATGCTAAC TTTACTTACA AAGAATCCTT CATATTGTTG TTCAACTTGA TGTACTGCAT 300
 CATTTAATGT TTGATGCGTT TTTACATCAC TGTCAACAAA AAATCATTC TTATAAATAT 360
 35 TATTTTCAAC TTCTGGAAAG AACAGTAAC CAATGCCCCG AATGGTTAAA GTGATTAAAC 420
 GTGGAGCAAT AAATATTGCT GCATAGAAAT GTAATCTTTG TAATGGATTA AATGTATTTT 480
 TCATATTTCC CTCCCAATTG GCTATTATAC GGTGTCAATT CTGTGATGTG TGTGAACAAA 540
 40 CTGTGACAAT ATTTATTTTC TAGAAAAATT TAACGATGAT TTGTGATTTT TAGAAAAATG 600
 AACTTTTAAG TTGGAATGTT TGAAGAAAAT TGATTATTCG TATGTTTTAT CAAGCAGCTA 660
 TGATAAAATT TAAACATAAT ACAATGCGAG CCATTTAAGC ATCTATGTTT AAATGGACAT 720
 45 CGATATTGTA TGAATTCGTT GTAACAAGCA AGCATTCTA TGTGAACGAA CCAAAGGGGA 780
 AAGTAACATG ATTAATAAAG AACAAATAGA TCTTTTATAT AAATTAAAAA AAGAAGTTGA 840
 50 AAAGTCGCGA AATGAAGCAC TTTTACATAC AATTAACCAA GTAATTAAGA AAGTATATTT 900
 GCAGCAATAT ACATGTTCGT TCGTTGGACA TTTTCTGCA GGTAAATCGA CACTGATAAA 960

55

	TATTGTGTCA GTTTCAGACA ATCACGATAT TATTGCTAAT TTGCCGAATC AAACGTATGC	1080
	CAAATTATCT AATTATGATG AAGTAAGGGA AATGAATCGC CAAAATGTCG ACGTTGAATC	1140
5	TGTAGAAATT AATTTTCAAT CAGCTAAATT TGAAAATGGG TTTACGTTGC AAGATACACC	1200
	AGGTGTTGAT TCAAATGTTG CATCACATCA GTCAATAACA GAACAATATA TGTATACAAG	1260
	TAATATGATA TTTTATACGG TTGACTATAA CCACGTTCAA TCTGAACTTA ACTTTAAGTT	1320
10	TATGAAGCAT ATAAATGATG TTGGaATACC TGTTGTGTTT ATCATTAAATC AAATTGACAG	1380
	CATCCAAGAC GATGGAATTG TCATTCTCTA CGTnTTAAAT CTCGAGTTGG AAAAATCAAT	1440
	TGGC	1444

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 480:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 6309 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 480:

25	GCAGCAGCTT ATCGTGAGTT ATCATTATTA TTACGTAGAC CTCCAGGTCG TGAACCATAC	60
	CCAGGTGACG TATTCTACTT ACATAGTAGA tTATTAGAAA GAGCAGCAAA ATTAAACGAT	120
30	GACTTAGGTG GCGGTTCAAT TACTGCATTA CCAATTATCG AAACACAAGC TGGTGATATT	180
	TCAGCTTATG TACCAACAAA CGTTATTTCa ATTACAGATG GACAAATCTT CTTACAATCT	240
	GATTTATTCT TCTCAGGTGT AAGACCAGCG ATTAATGCCG GACAATCTGT ATCTCGTGTT	300
35	GGTGGATCTG CACAAATTAA AGCAATGAAG AAAGTTGCTG GTACGTTACG TCTTGACTTA	360
	GGTCATACA GAGAACTTGA ATCATTGCA CAATTCGGTT CAGACCTTGA TGAATTTACT	420
	GCAAGTAAAT TAGAACGTGG TAAACGTACT GTTGAAGTCT TAAACAAGA TCAAAACAAA	480
40	CCATTACCAG TCGAACACCA AGTGTGATT ATTTATGCAT TAACAAAAGG ATATTAGAT	540
	GATATTCCAG TTGTAGATAT CACACGTTTT GAAGACGAGT TAAACCACTG GGCAGAATCA	600
	AATGCTACTG AACTGTTAAA TGAAATCAGA GAACTGGTG GCTTACCAGA TGCTGAGAAG	660
45	TTTGACACAG CAATTAACGA ATTCAAAAAA AGCTTTAGCA AATCTGAATA ATAAACAAGT	720
	TTAGTATAAG GTGGTGAGAT AGTGGCTTCT CTTAAAGAAA TAGATACTCG AATAAAATCA	780
50	ACCAAAAAAA TGAAGCAGAT TACGAAAGCG ATGAACATGG TATCAAGTTC AAAACTTCGT	840
	AGAGCTGAAA AAAATACAAA ACAATTCACA CCATATATGG ATAAATGCA AGATGCAATT	900

	ACTAGAAGTG GATATTTAGT TATCACGAGT GATAAAGGTT TAGCAGGTGC ATATACTGCA	1020
	AACGTGCTTA AAAAATTGAT TACTGATATT GAAGCGAAAC ATCAAGATAG TAGCGAATAC	1080
5	AGTATTGTAG TTTTAGGGCA ACAAGGTGTT GATTTCCTAA AAAATAGAGG TTATGACATT	1140
	GAGTATTCTC AAGTAGACGT ACCTGATCAA CCTTCTTTCA AATCTGTTCA AGCACTAGCT	1200
	AACCATGCTA TAGACTTATA CAGTGAAGAA GAAATTGATG AATTAAATAT ATACTATAGT	1260
10	CATTATGTCA GCGTTCCTGA AAACAAGCCT ACATCTAGAC AAGTATTACC ATTATCTCAA	1320
	GAGGATTCTA GTAAGGGGCA TGGTCATTG TCTTCTTATG AATTGAGCC AGATAAAGAA	1380
	TCTATCTTAA GTGTAATCTT GCCTCAATAT GTTGAGAGTT TGATTTACGG AACAATATTA	1440
15	GACGCAAAAG CAAGTGAGCA TGCAACACGT ATGACTGCGA TGAAAAATGC CACTGATAAT	1500
	GCAACTGAAC TTATTGATGA CTTATCATTGA GAATATAACA GAGCGAGACA AGCAGAAATT	1560
20	ACGCAACAAA TTAAGTAAAT TGTGGTGGT TCCGCGCGC TTGAATAATA TTTAAAGGAG	1620
	GAAATAGCA TGGGAATTGG CCGTGTAACT CAAGTTATGG GTCCTGTAAT TGATGTTTCA	1680
	TTTGAACATA ACGAAGTTCC TAAAATTAAT AACGCCCTGG TTATTGATGT GCCTAAAGAA	1740
25	GAAGGTACAA TACAATAAC ATTAGAAGTT GCGCTGCAAT TAGGTGACGA CGTGTTCGT	1800
	ACAATTGCCA TGGATTCAAC TGATGGTGTC CAAAGAGGCA TGGATGTAAA AGATACAGGC	1860
	AAAGAAATTA GTGTACCTGT TGGTGACGAA ACATTAGGTC GTGTATTTAA TGTACTAGGT	1920
30	GAAACAATTG ACCTTAAAGA AGAAATTAGT GATTCTGTTT GCCGCGATCC TATCCATCGT	1980
	CAAGCACCAG CATTGATGA ACTTTCAACA GAAGTTCAAA TTTTAGAAAC AGGTATTAAA	2040
	GTAGTAGATT TACTAGCACC TTATATTAAA GGTGGTAAAA TCGGATTGTT CGGTGGTGCC	2100
35	GGTGTAGGTA AAACAGTATT AATCCAAGAA TTAATTAACA ACATCGCTCA AGAGCACGGT	2160
	GGTATTTCTG TATTCGCCGG TGTAGGTGAA CGTACTCGTG AAGGTAACGA TTTATACTTC	2220
	GAAATGAGTG ACAGTGGTGT AATTAAAGAA ACAGCCATGG TATTCGGGCA AATGAATGAG	2280
40	CCACCTGGTG CACGTATGCG TGTTGCATTA TCTGGTTTAA CAATGGCTGA ATATTTCCGT	2340
	GACGAACAAG GTCAAGACGT ATTATTATTC ATCGATAACA TTTTCAGATT TACACAAGCT	2400
45	GGTTCTGAGG TATCTGCATT ATTAGGTCGT ATGCCTTCTG CAGTAGGTTA CCAACCAACA	2460
	CTTGCTACTG AAATGGGACA ATTACAAGAA CGTATTACGT CTACAACAAA AGGATCAGTT	2520
	ACTTCTATTC AAGCGGTATT CGTACCTGCC GATGACTATA CTGACCCAGC GCCTGCGACA	2580
50	GCGTTTGCCC ATTTAGATGC AACTACAAAC TTAGAACGTA AATTAACTGA AATGGGTATT	2640
	TATCCAGCCG TGGATCCATT AGCGTCTACA TCAAGAGCAT TGGAAACCATC AATTGTAGGT	2700

55

	CAAGATATCA TTGCTATCTT AGGTATGGAC GAATTATCTG ATGAAGATAA ACAAACAGTT	2820
	GAACGCGCAC GTAGAATTCA ATTCTTCTTA TCTCAAACT TCCACGTAGC GGAACAATTT	2880
5	ACTGGTCAAA AAGGTTCTTA TGTACCTGTT AAGACAACAG TTGCAAACTT TAAAGATATC	2940
	TTAGATGGTA AATATGACCA TATTCCAGAA GATGCATTCC GTTTAGTTGG TAGCATGGAT	3000
	GATGTTATTG CAAAAGCTAA AGATATGGGT GTTGAAGTAT AACAAATTAGG AGGAATGGAT	3060
10	AATGAATACA TTAAACCTAG ATATTGTCAC TCCTAATGGT TCTGTTTACA ATCGTGATAA	3120
	TGTTGAACTC GTTGTATATGC AAACAACAGC TGGTGAGATA GGTGTCATGA GTGGACATAT	3180
	TCCAACTGTA GCTGCTTTAA AAACAGGCTT TGTAAGAGTG AAATTTACAG ATGGAAGTGA	3240
15	ATATATTGCT GTAAGCGATG GCTTTGTTGA AGTTAGAAAA GATAAAGTTT CAATCATTGT	3300
	TCGACTGCA GAAACTGCAA GAGAAATTGA TGTTGAAAGA GCTAAATTAG CCAAAGCAAG	3360
20	AGCAGAGTCT CACTTGGAAA ATGATGACGA CAATACTGAT ATTCATAGAG CCGAAAGAGC	3420
	TTTAGAGAGA GCAAATAACC GTTTGCGTGT GGCTGAATTA AAATAGTAAA TAAAGGGTCG	3480
	AAGATGTGAT TTCATATCTT CGACCCTTTT TTGAATTATA TTGATTTAAA GATACAAAAC	3540
25	ATGAGAGGGG GGAAGGAATT GATAAAGAAC CATTAAAGAT TTATGATGTA GTGGTCTTTT	3600
	ATCATTAAAC ACAGCTAATG TGTATTTAAA AATAGGaayA CATgAGTAAA ACTCATGTAT	3660
	AAGAAATACT AATTTCTAAA GAAAAAGTAT TTCTTTATGT TGGGGCCCCG TCAACTACTG	3720
30	CCAAATACAA CACTATAGAG TCTAGACATT GATTTATGTC CGACTCCCA GAATAGTTTT	3780
	ACTTTTTTAC AATCACTAAT AGATTGCTAA AATCAAAAT TCCTTCACCA CTATCTACAG	3840
	TCGACATTTT ATTTTTTGAA ATTATCTACA TTTTTTCATA CCAAGATATT TTATAGTTAT	3900
35	GATATTTATG TAAAAAGAAT TATATAGTAA GTTAGCTTAA ACTTTACTAA AAACGGGTAT	3960
	TAACTTTTGT ATCATTATTT AAATTTTTCA TGTACAATGT AATACAGTAA TCTTATGAGG	4020
40	TGATAAAATG GATTATATCG GACAATATGC AGTTATCCAT TTAGTGTTAC ATGTTGTATG	4080
	TATTGTATT GCCTATTGGG CTTTACAATC AATTAGATTA GATCAATTTT TAAAAAAGG	4140
	ATACGCCACT CAATTACAAG TGTGTATGAT ATTTGTTGCT ATTTTATTAG GCACTGCAGT	4200
45	AAGCAATTTT ATTGTAGATT TGTTACAATA CTCGACGCAG GTAAATATT TAATAAAATA	4260
	AGTCTAACTC TATGATTTGT AATCAAACT AGATATAATT AAATAATGAC TTAATAAAT	4320
	TTTAAATAG GGAAATGTAA AGTAATAGGA GTTCTAAGTG GAGGATTAC GATCGATAAA	4380
50	ATAGTAATCA AAGGTGGAAA TAAATTAACG GGTGAAGTTA AAGTAGAAGG TGCTAAAAAT	4440
	GCACTATTAC CAATATTGAC AGCATCTTTA TTAGCTTCTG ATAAACCGAG CAAATTAGTT	4500

55

	GACGTTACAT ACAAAAAGGA CGAAAATGCT GTTGTCGTTG ATGCAACAAA GACTCTAAAT	4620
	GAAGAGGCAC CATATGAATA TGTTAGTAAA ATGCGTGCAA GTATTTTAGT TATGGGmCCT	4680
5	CTTTTAGCAA GACTAGGACA TGCTATTGTT GCATTGCCTG GTGGTTGTGC AATTGGAAGT	4740
	AGACCGATTG AGCAACACAT TAAAGGTTTT GAAGCTTTAG GCGCAGAAAT TCATCTTGAA	4800
	AATGGTAATA TTTATGCTAA TGCTAAAGAT GGATTAAAAG GTACATCAAT TCATTTAGAT	4860
10	TTTCCAAGTG TAGGAGCAAC ACAAAATATT ATTATGGCAG CATCATTAGC TAAGGGTAAG	4920
	ACTTTAATTG AAAATGCAGC TAAAGAACCT GAAATTGTG AATTAGCAAA CTACATTAAT	4980
	GAAATGGGTG GTAGAATTAC TGGTGCTGGT ACAGACACAA TTACAATCAA TGGTGTAGAA	5040
15	TCATTACATG GTGTAGAACA TGCTATCATT CCAGATAGAA TTGAAGCAGG CACATTACTA	5100
	ATCGCTGGTG CTATAACGCG TGGTGATATT TTTGTACGTG GTGCAATCAA AGAACATATG	5160
20	GCGAGTTTAG TCTATAAACT AGAAGAAATG GCGCTGAAT TGGACTATCA AGAAGATGGT	5220
	ATTCGTGTAC GTGCTGAAGG GGAATTACAA CCTGTAGACA TCAAACTCT ACCACATCCT	5280
	GGATTCCCGA CTGATATGCA ATCACAATG ATGGCATTGT TATTAACGGC AAATGGTCAT	5340
25	AAAGTCGTAA CCGAACTGT TTTGAAAAC CGTTTTATGC ATGTTGCAGA GTTCAAACGT	5400
	ATGAATGCTA ATATCAATGT AGAAGGTCGT aTGCTAAAC TTGAAGGTAA AAGTCAATTG	5460
	CAAGGTGCAC AAGTTAAAGC GACTGATTTA AGaGCAGCAG CCGCCTTAAT TTTAGCTGGA	5520
30	TTAGTTGCTG ATGGTAAaAC AAGCGTTACT GAATTAACGC ACCTAGATAG AGGCTATGTT	5580
	GACTTACACG GTAAATTGAA GCAATTAGGT GCAGACATTG AACGTATTAA CGATTAAATC	5640
	AGTAAATTAA TATAATGGAG GATTTCACC ATGGAAACAA TTTTGATTA TAACCAAATT	5700
35	AAACAAATTA TACCTCACAG ACAGCCATTT TTATTAATTG ATAAAGTAGT TGAATATGAA	5760
	GAAGGTCAAC GTTGTTGGC TATTAAACAA GTATCAGGAA ACGAACCATT CTTTCAAGGG	5820
40	CATTTTCCTG AGTATGcGGT AATGCCAGGC GTATTAATTA CTGAAGCGTT AcTCAAACAG	5880
	GTGCGGTAGC TATTTTAAAT AGTGAAGAAA ATAAAGGTAA AATCGCTTTA TTTGCTGGTA	5940
	TTGATAAATG TCGTTTAAA CGTCAAGTAG TACCTGGTGA TACTTTAACG TTGGAAGTAG	6000
45	AAATCACTAA AATTAAAGGA CCAATAGGTA AAGGTAATGC TAAAGCTACT GTCGATGGTC	6060
	AACTTGCTTG TAGTTGTGAA CTTACATTG CAATTCAAGA TGAAAATAA AACAAAAAA	6120
	ACATTCAAAG ATTTAATGTG TTGGCATAAT CTTTGAATGT TTTTATTTT ACTCTTCTAA	6180
50	TTTTTCATCC TTTAACTTTG GTTAGACTG CaTCATTGCA TTAAATGATT TTTTAAATC	6240
	TTCACCAGAT AATCCATCAT CAATAAGTTG GTTCTAATAA ACTTTCAGCA TACTGTTGGA	6300

55

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 481:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1717 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 481:

```

AGTTGCTACA CCAGACATGA TGGGTGAAGT TGGTAAATTA GGTCTGTAT TAGGACCAAA      60
AGGTTTAAATG CCAAACCTTA AAAGTGAAC TGTAACAATG GATGTAAAAA AAGCTGTTGA      120
AGAAATCAAAA GCTGGTAAAG TAGAATATCG TGCTGAAAAA GCTGGTATCG TACATGCATC      180
AATTGGTAAA GTTTCATTTA CTGATGAACA ATTAATtGAA AACyTCaATA CyTTACAAGA      240
TGTATTAGCT AAAGCTAAAC CATCATCTGC TAAAGGTACA TACTTCAAAT CTGTTGCTGT      300
AACTACAACA ATGGGTCTCTG GAGTTAAAAT TGATACTGCA AGTTTCAAAT AATAAATGAT      360
ATAACAATT ACAGGCTGAA AGAAATATCT TTCAGTCTGT AAAAATATAT TGACAATAAG      420
TAATTTCCAA GTTATATTAC TTATTGTGAT TATTTTACCT AAGACAGTAG GAGTTATTTA      480
TAAGTTAAAA TTTATCCTGC CGAGGCTAAA ATTGACTTGA ACGTGATGAT CTATGATCTT      540
TCAAGCACTT TTTGCCGTGG GTAGAAAGTG CTTTTTTTAT TAATTTTAAA AAAAGCACCA      600
AAAATTTAAA TGGAGGTGTC TGAATGTCTG CTATCATTGA AGCTAAAAAA CAACTAGTTG      660
ATGAAATTGC TGAGGTACTA TCAAATTCAG TTTCAACAGT AATCGTTGAC TACCGTGGAT      720
TAACAGTAGC TGAAGTTACT GACTTACGTT CACAATTACG TGAAGCTGGT GTTGAGTATA      780
AAGTATACAA AAACACTATG GTACGTCGTG CAGCTGAAAA AGCTGGTATC GAAGGCTTAG      840
ATGAATTCTT AACAGGTCCT ACTGCTATTG CAACTTCAAG TGAAGATGCT GTAGCTGCAG      900
CGAAAGTAAT TTCTGGATTT GCTAAAGATC ATGAAGCATT AGAAATTAAA TCAGGCGTTA      960
TGGAAGGCAA TGTTATTACA GCAGAAGAAG TTAAAACTGT TGGTTCATTA CCTTCACACG     1020
ATGGTCTTGT ATCTATGCTT TTATCAGTAT TACAAGCTCC TGTACGCAAC TTCGCTTATG     1080
CGGTTAAAGC TATTGGAGAA CAAAAAGAAG AAAACGCTGA ATAATTTTTA GCGTAAAAAA     1140
ATTAATAATA ATGGAGGAAT TATAAATGG CTAATCATGA ACAAATCATT GAAGCGATTA     1200
AAGAAATGTC AGTATTAGAA TTAAACGACT TAGTAAAAGC AATTGAAGAA GAATTTGGTG     1260
TAcTGcAGCT GCTCCAGTAG CAGTAGCAGG TGCAGCTGGT GCGCTGACG CTGCAGCAGA     1320
AAAAACTGAA TTTGACGTTG AGTTAACTTC AGCTGGTTCA TCTAAAATCA AAGTTGTTAA     1380

```

TCCTAAAGTA ATCAAAGAAG CTTTACCTAA AGAAGAAGCT GAAAACTTA AAGAACAATT 1500
 AGAAGAAGTT GGAGCTACTG TAGAATTAAA ATAATTCAAG TATCTTAAAC TTAATAATCA 1560
 5 AAGTTTTATA GCAAGTATTG CTATAATATA ATGATTCTTT GAGAAGTTAA AACCCCGTTA 1620
 TTTTGATAAC GGGgTtTTAT TCaTTTAAAG ACTGAGTGAA ATGTTATAAT TATAATGACG 1680
 AGTTACAAAG TGAAGATGAG GTGGAATAA TGAGTCA 1717

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 482:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1279 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 15 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 482:

GTAAATCTGT TACTCGAAAT GTAACGATTA AAGAAAAGGG CTCATCTCAA ACATATATTT 60
 TGTTAGGCTA TCCAACAAAA GCACAGAAGA ATAGTCATAG CAAATATAGT GGAGTCTTTA 120
 25 TATATAAAGA CTTGAAATCA ATCGAAGATA CAAATAATGC TATTACGATT ATCACCATAA 180
 TTACGGCTGT TATTTTCTTA ACAATTACAA CAGTCTTTCG GTTTTCTTA TCGTCAAGAA 240
 TTACAAAACC TTTAAGACGT TTAAGAGACC AAGCTACACG TGTATCTGAA GGGGATTACT 300
 30 CTTATAAACC TTCTGTCACA ACGAAAGATG AAATTGGTCA ATTATCGCAG GCATTTAATC 360
 AGATGAGTAC AGAAATCGAA GAGCATGTCG ACGCATTATC CACATCTAAA AATATTAGAG 420
 ACAGCTTAAT TAACTCTATG GTAGAAGGTG TCCTAGGTAT TAATGAGAGT CGACaAATTA 480
 35 TCTTATCTAA TAAGATGGCG AATGATATTA TGGACAATAT TGATGAAGAT GCTAAAGCTT 540
 TCTTATTAAG ACAAATAGAA GATACTTTTA AATCAAAACA AACTGAAATG CGCGATTTAG 600
 AAaTGAATGC ACGATTCTTT GTTGTGACCA CAAGCTATAT CGACAAGATT GAACAGGGAG 660
 40 GTAAaAGTGG TGTTGTTGTG ACAGTTCGTG ATATGACTAA TGAGCACAAT CTAGATCAAA 720
 TGAAGAAAGA TTTCAATTGCT AATGTATCAC ATGAATTACG TACACCGATA TCATTACTTC 780
 AAGGTTATAC TGAATCAATT GTAGATGGTA TTGTTACAGA ACCGGATGAA ATAAAAGAAT 840
 CGCTTGCCAT TGTCCTTGAT GAATCGAAAC GTTTAAATCG TTTAGTTAAT GAATTGTTAA 900
 AIGTCGCACG CATGGATGCT GAAGGGTTAT CCGTAAATAA AGAAGTTCAG CCTATTGCAG 960
 50 CGTTACTAGA TAAGATGAAA ATTAAGTATC GCCAACAAAGC TGATGATTTA GGTCTAAATA 1020
 TGACTTTTAA TTAyTGTAAG AAGCGTGTTT GGAGTTATGA TAWGGATCGC ATGGACCAAG 1080

TTACTTGTGA TGAAAATGAA AGCGAAGATA TTTTATACAT TAAAGATACA GGTACAGGCA 1200
 TTGCACCAGA ACATTTACmA CAAGTATTTg ATCGTTTTTA TAAAGTTGAT GCAGCGnAnA 1260
 5 ACCCCGnGGT AACCAngTA 1279

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 483:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1144 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 483:

GAGCTGTTGT TACTTTGATG CCTGCAGCTT TATTACGGCT GACTTGGTAA TGATAAGTTT 60
 20 CAGCATATTG CTCAATATAT GCTATATCAT ATTGAATGGT ACGAGGTGAT ACACCAAGTT 120
 GATTAGCAAT GGTATTGATT GGAATAAACG TTTGCTCATG AATTAAAAGA TACAAAATTT 180
 CGATTTGTCT ATAACCTAAC AACGTAATAT CCTCCTATTT GTAATTGTAA GCGATTTCTT 240
 25 AAAAACGTAG ATATGCAATC TCTTTCATAT TTTAATCCGA AAAATTGCAT ATCAAAATGT 300
 TTATGGCGCA AGATTTTATA GGAACCTTTA AAATAAATTA rATATTCATG TTGACAATTT 360
 AAAAATGTCG CAGTATATTT AGTTAGACAT CTAACGAAAT GGTGGTGCAA TAAATGGAAT 420
 30 TCACTTATTC GTATTTATTT AGAATGATTA GTCATGAGAT GAAACAAAAG GCTGATCAAA 480
 AGTTAGAGCA ATTTGATATT ACAAATGAGC AAGGTCATAC GTTAGGTTAT CTTTATGCAC 540
 ATCAACAAGA TGGACTGACA CAAAATGATa TTGcTAAAGC ATTACAACGA ACAGGTCCAA 600
 35 CTGTCAGTAA TTTATTAAGG AACCTTGAAC GTAAAAAGCT GATCTATCGC TATGTCGATG 660
 CACAAGATAC GAGAAGAAAG AATATAGGGC TGACTIONCTC TGGGATTAAA CTCGTAGAAG 720
 CATTCACTTC GATATTTGAT GAAATGGAAC AAACACTCGT ATCGCAGTTA TCTGAAGAAG 780
 40 AAAATGAACA AATGAAAGCA AACTTAACTA AAATGTTATC TAGTTTACAA TAAATGATAA 840
 GTGTGACTGG TAGAAATCAG TCACTTTGTC TTTAATATTA TAGTTAGATA TCTAATTGTT 900
 45 AGTAAGCTAA TTATTGGAAA AGACAAGGAG TATTGAACAA TGAAAGACGA ACAATTATAT 960
 TATTTTGAGA AATCGCCAGT ATTTAAAGCG ATGATGCATT TCTCATTGCC AATGATGATA 1020
 GGGACTTTAT TAAGCGTTAT TTATGGCATA TTAAATATTT ACTTTATAGG ATTTtTyAGAm 1080
 50 GAYAGCCACA TGATTTCTGC tAatCTCTCT AACACTGCCA GTATTGCTA TCTTAATGGG 1140
 GTTA 1144

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1158 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 484:

10	ACAACCAATT TTAATAACA TGGTrTCAT gCATTtTCAA TATTtTAGATG TCGACCGCAT	60
	AATCGAAGAA TCGCCGACAA TAGTACTTAT CGATGAGTTA GCACATACGA ATATTtCTAG	120
15	AGATCGTCAT GAGAAACGAT ATATGGATAT TGAAGAAATT TTAAATCATG GTATCGATGT	180
	TCATACCACT TTGaACATTC aaCATATTGA AAGTTtAAGT AGTCAAATTG AACTGATGAC	240
	CGGTGTACAT GTTAAAGAAC GTGTACCCGA CTATTtCATA ATGAGCGCCG ATGTATTAGA	300
20	AGTCGTAGAT ATCTCACCTG AACAAATTAAT TAAACGCTTA AAAGCTGGCA AGGTATATaA	360
	AAAGGATAGG CTAGATGTAG CATTtTAGTAA TTTCTTTACG TATGCCCACC TAAGCGAAtG	420
	CGTACATTGA CGTTAAGAAC AGTTGCCGAC TTGATGAGTG ATAAAGAAAA AGTCCGACAC	480
25	AACCATAAAA CGTCACTCAA ACCTCATATT GCTGTGGCAA TTAGTGGGAG CATTtTATAAT	540
	GAAGCAGTAA TTAAAGAGGC ATTCCATATT GCTCAAAAAG AACATGCGAa GTTCACTGCT	600
	ATTTATATAG ATGTATTtCGA AAAAAACAGG CAATATAAAG ATAGTCAAAA GCAAGTGCAT	660
30	CAACATCTCA TGCTTGCAAA ATCATTAGGA GCAAAAGTAA AAGTAGTTTA TAGCCAAACC	720
	GTTGCATTAG GATTAGACGA ATGGTGTAaA AATCAAGATG TAACCAAATT AATTATCGGA	780
	CAACATATTA GAAATAAGTG GCGAGACTTT TTCAATACAC CTTTAATTGA CCATTtTAATG	840
35	TCCTTTGAAC ATAGCTATAA AATCGAAATC GTTCCAATCA AACAAATACC TGTTGAATTG	900
	AAAATGAACA AATCACCTTA TCGTCCTAAA GGCAACGTT TCGCCATAGA TATGTtAAAA	960
40	ATGATTtTGA TTCAAATAAT TTGTGTAATG ATGGGACTGT GGATTtATCA ACTTGATAAG	1020
	CATGAGTCTA GTACGATTAT TTTAATGATT TTTCTCATCG GCATCATTtT ATTATCCATT	1080
	TGGACGCGGT CCTTCATCAT TGGCTTTtAG CAGCAATTAt TAACGTATTt GTgTkTAATT	1140
45	ATkTTTTtAC GGAACCTA	1158

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 485:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2224 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 485:

	ATCATATGGT CGATTTAACA GATCCAACGT ACTGctAAAT AATTACATGA CGTTTAAACA	60
5	TAGCATTGAT TATAACTATT TCTAAGTCTT CGCATTATTT GCGATGATGT GGGAAATAGTT	120
	ATTTTTATTT AAAAATATAA AAAAATAGAT GCAGCAAAAT TTAAAGCAT TTTATTTTGA	180
	ACATATTAAA AGGGAGCGTA TCATAATGGA ATGTAATGTT TATATCGTAT GCATTACGGA	240
10	TAAATAATAT ATAAATCATT CTTGAGGAGT GAAAGAATAA TGAGAGACTA CACAAAGCAA	300
	TACATTAATG GCGAATGGGT AGAAAGTAAT AGTAATGAAA CGATAGAAGT TATAAATCCA	360
	GCAACCGAAG AAGTAATCGG GAAAGTTGCT AAAGGTAATA AAGCTGATGT TGATAAAGCC	420
15	GTCGAGGCGG CAGACGATGT TTATTTAGAG TTCCGTCATA CATCTGTGAA AGAAAGACAA	480
	GCGTTATTAG ATAAAAATTGT AAAAGAmTAT GAAAACAGAA AAGACGATAT TGTACAAGCT	540
20	ATTACGGATG AATTAGGTGC TCCTTTATCA TTATCTGAGC GTGTCCATTA TCAAATGGGA	600
	CTAAACCATT TTGTTGCAGC GAGAGACGCA TTAGATAACT ACGAATTTGA AGAACGCCGC	660
	GGAGATGATT TAGTTGTTAA AGAAGCAATC GGTGTATCTG GATTAATTAC ACCGTGGAAC	720
25	TTCCCTACAA ACCAAACATC ATTAAAATTA GCAGCAGCAT TTGCGGCTGG TAGTCCAGTT	780
	GTACTTAAAC CATCTGAAGA AACACCATTT GCAGCTGTTA TTTTAGCTGA GATTTTTGAT	840
	AAAGTCGGTG TTCCTAAAGG TGTATTTAAC CTTGTTAATG GTGATGGTGC TGGTGTGGG	900
30	AATCCTTTAT CTGAACATCC TAAAGTACGC ATGATGTCAT TTACAGGATC AGGCCCTACT	960
	GGTTCTAAAA TTATGGAAAA AGCCGCTAAA GATTTTAAAA AGGTATCATT AGAGCTTGGT	1020
	GGCAAATCAC CATATATCGT CCTAGATGAC GTAGATATTA AAGAAGCGGc TAAAGCAACa	1080
35	aCAGGCAAAG TTGTTAATAA TACTGGTCAA GTATGTACAG CTGGTACACG TGTTTTAGTG	1140
	CCTAACAAAA TTAAAGATGC ATTCTTAGCT GAATTAAAAG AACAATTTAG CCAAGTGCCT	1200
	GTGCGTAATC CAAGAGAAGA TGGTACACAA GTAGGCCCTA TCATTAGTAA AAAACAATTT	1260
40	GATCAAGTAC AAAATTATAT TAATAAAGGT ATTGAAGAAG GTGCTGAATT ATTTTATGGT	1320
	GGTCCTGGTA AACCAGAAGG ACTTGAAAAA GGATACTTTG CACGTCCGAC AATTTTTATT	1380
45	AATGTAGATA ATCAAATGAC GATAGCACAA GAwGAAATTT TTGGGCCAGT AATGTCAGTT	1440
	ATCACTTATA ACGATTTAGA TGAAGCGATT CAAATTGCAA ATGATACAAA ATATGGTTTG	1500
	GCAGGATATG TTATTGGTAA GGACAAAGAA ACATTGCATA AAGTAGCTCG TTCTATTGAA	1560
50	GCAGGTACAG TAGAAATAAA CGAAGCAGGT AGAAAGCCAG ATTTACCATT TGGTGGCTAT	1620
	AAACAATCTG GTTTAGGTGCG TGAATGGGGC GATTATGGTA TTGAAGAGTT CTTAGAAGTG	1680

55

AGTGCACATG ACTAATTAAG TTTTGTGTAC TGTTTTAATT TTGCAATTTT TATAAATAGA 1800
 TTTTGTAAAT AAAATAAAAA TTTGCTATAG TTATTCATGT ATTTAAAAGG TTGGGGATTA 1860
 5 GCATAATGGG ATTGTGCTAG CACAGTTATT TATGCATTGT CATGCCTATC TATTACTTAC 1920
 TAACTAAAA ATAATGAAAT GGGTGTAAC TATATGCCTG AAAGAGAAGC TACATCTCCT 1980
 CAGTATGAAT CATTCCACGA ATTGTACAAG AACTATACTA CCAAGGAACT CACTCAAAAA 2040
 10 GCTAAACTC TTAAGTTGAC GAACTATAGT AAATTAAATh AAAAAGAACT TGTTCCTAGCT 2100
 ATTATGGAAG CACAAATGGA AAAAGATGGT AACTATTATA TGAAGGTAT CTTAGATGAT 2160
 ATACAACCAG ATGGTTATGG TTTTTTAAGA ACAGTGAAGT ATTCTAAAGG GGAAAAAGAT 2220
 15 ATTT 2224

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 486:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 20 (A) LENGTH: 1690 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

25 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 486:

ACATTACnTT GAATCGAAAG TTTCATAAAC GACTTGAATG CCAGTTTCTT TTTCAAATTT 60
 30 CTTAATTAAC TCTGGATCAA TATATTCGCC CCAATTGTAT ACGTAAATTT TTTGATTGT 120
 ATGCACTTGT TCTTTAGATT TAAACCAATG ACTTAAAGTA AGACAAAGCA TACCCACAAC 180
 TAATGCACCT ATAATGAGTT GTAAAAATCG TTTCAATTATT TTACACCTCG CTTGATTAGT 240
 35 TTTTCTTAT TTATCACGTA TTGAATCAAA TAATATCCTA GTATTCCTAA TACAATAACA 300
 GCAAACAATA ATGTTGAAAT CGCATTAAAT TCCATACTAA TTCCTTTTCT CGCCATAGCA 360
 TAAACTTCAA CTGATAACAC ACTAAAGCCA TTACCAGTAA CGAAGAACT TACTGTGAAA 420
 40 TCGTCTAGTG AATAAGTTAA AGCCATAAAG AATCCTCCTA TAATAGAAGG TAAAATATTA 480
 GGAATAATAA TGTGCTTAA TAATTGTGGT TCAGTCGCTC CTAAATCTCT TGCAGCATT 540
 AACATATTAT TATTCAATC ATACAGTTGT GGTAAGACGA TAATCACAAC TATAGGTATG 600
 45 CAAATGCAA TATGAGATAT TAGAACTGTC CaAAakCCTA AACCAAGACC AGTAAAATGG 660
 CCAATCGTTG TAAACATAAT TAAGAATGAT GCACCTATGA CAACGTCGGA TGATACCATC 720
 50 AAGACATTAT TCAATGTTAG TAAAGTTACT TTAACTTTT TATTTCTTAA ATAATAAATA 780
 GCAATGGCAC CAAATGTACC AATAACTGTA GAAATTGAGG CTGCTAAAAG TGCTACAGCT 840

55

AATGTAAAAT GTTCAAAGTG AATCATATTA CCAGCCGAAT TGAATGAATA GAACATTAAA 960
 AAGAATATTG GGATGTATAA AATCGCTAAA AGTATCCCGA TATACAGCTT TCCATACCAT 1020
 5 TTCATATGAT TCACCCTCTC CCATTAGATG ATTTTGTAAT GATTAAAATG AATGCCATAA 1080
 ATACAATTAA GAATATAGCT ATAGTTGATC CCATACCATA ATTTTGAATT GTTAAAAATT 1140
 GTTCCTCTAT TGCCGTACCT ATATTTATGA CTTTATTACC TGCAATTAAT CTTGTAATCA 1200
 10 TAAATAATGA AAGTGATGGA ATAAAGGTTA CTTGAATCCC AGTCATAACA CCTTCTTTTG 1260
 TTAACGGCAT GATTACTTTT CTAAAAGTAT AGAAAGGACT GGCACCTAAA TCACTTGAGG 1320
 CCTGCAATAA ATTATTAGGA ATTGCTTTCA TGCTATTAAA TATAGGTAAA ATCATAAATG 1380
 15 GTATATAAAT GTAACCTGCC ACTACTAAAA ACGCACCAGT TGTAATAAAC AAATTGAATG 1440
 ATGGTAAATT AAATAAGTGG AAAATTGATT AATCACGCCA TCATGACTTA ATAAACCTAT 1500
 AAAAGCATAT GTCTTTAACA ATAAATTTAT CCATGTTGGA ATAATCATT TCAATTAATA 1560
 20 GATATTTTGA AATTTGGAAC GAGTAATATA ATAGGCAGnT GGATAACTGA TAGTCAAGGT 1620
 AATAATTGTT ATTGAAGCGG CATATAAAAT TGAATATGCA AACATTTTCA AATATTTTGT 1680
 25 AGTAAAAATT 1690

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 487:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 2112 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 487:

ACGAAAAGAA ATATTATGAT GAACAAAAAG AAAGAATAAC GATTTATATG AAGTACAATG 60
 TGAAAGGTTA TAAAAATATA AGCTTCGCTA ATTTTAAAGA AAACCCAATG GATGGTTATT 120
 40 CTATTAGTGG TTATATAAAT AAtGaTAAAA AGTTATCATT TACAGCTGGT ATAAGATCTG 180
 TTGATGATTT TCAATTTGAT ACCGATATTT CTTATACAGA TGAATTGGGT AGAAAATTTA 240
 ATAAAAATCC TAAGTCAGTT TCTGAAATAA AAAAAGAGCA AAATACGTCC AATAAATAAT 300
 45 TGTTCATATT GTGATGAAAC AAAAATATAA GTCATTAGAT GAGTTTAACT ATGTTATAAA 360
 TATTTGTAGT ATCTATAAAA ATCTCGACAC TATTAAATG ATAAAGTGCC GAGGTTTCT 420
 TACTTATTTA GTTAATCAA AGTTTATGCC AGATTCATAA GAATTTGTGA CACTTTTAAT 480
 50 AGTGTAcCAT TGATTATTAC AATTTATCAA ATGGTCCTTT AGAAGGTATA AATAACAAAA 540

	TATTATTATG TTCAAACTT TACGCTCCAA AAAGTAAAAA GGAAGTTAAG CAATGTTTAG	660
	TTGCTTAaCT TCGGaTATTG AACGCATCAG TCCAATTTGA CATAGAGCCT TTTTtagTTC	720
5	TTGATGTTTC TCTTTAAAC CTTGCATATT TTACAAAAAG AAAAATTAGC AGTATAATTA	780
	AGACAACGAA AATAAGTATT TACTTATACA CCAATCCCCT CACTATTTGC GGTAGTGAGG	840
	GGATTTTTAT TGGTGC GGCT ATATGTCACC TATTTTGAT TGCCTACT TAGCCAATAA	900
10	GAAAAAACG CAATGGCACA GCCACTGATG ACTGGTGCTA TGATGTGAAC GaAAATAAGC	960
	ATCACCTTAT ACACCTCCTC TCTGCGTCTA AATTGACGSc TGAGaGrTAG GcGACTCTAC	1020
	TATTATATCA TCGGCAAATA TACAAGCACA GTCACTTGCT TCTGATAAGT TATATGATTC	1080
15	TAGCTGATAG ATTGAATCGT CTACACTTAA TTGGACAAAT TCTATGAGAA TAGATATTGT	1140
	TAATTTAAGA AAGTAGGCGA TTTTATTATG ACAAGAGAAA GAAGATCATT TAGTTCAGAG	1200
	TTTAAGTTAC AAATGGTTAG ATTATATAAA AATGGTAAGC CTAGGAATGA AATTATACGC	1260
20	GAGTATGATT TCACACCTTC GACGTTTGTA AATGGCGGTT ATAAATGTA GGAAATGGA	1320
	TAAAGCAACA TCAAAACACG GGTACATTCA ATCACCAGA TAACTTATCG GATGAAGAAA	1380
25	AAGAGCTGAT TAAATTACGC AAAGAAGTTC AACATTTAAA AATGGAGAAC GATATTTTAA	1440
	AGCAAGTAGC GCTGATTATG GGGCAAAAAT AGAAGTCATT CAAAAGAATG CACATCAATA	1500
	TTCAATGTGTA AAGTCCTGAT AATACTAAGA AGTACCTATT ATGATTCTAT	1560
30	AAAAAGAAAA GATAATAAAA TCACTAAAGA TGATTCAAAC ATAGAACATG CCGTCATAAA	1620
	TATTTTAAAT TCTAATAGAA AAGTCTTTGG TACAAGACGA ATTAAAAATC ATTTAAATGA	1680
	CAAGGGTCTC ACTGTATCTG GACAAAAGAT AGGTCGATCA TGAAAAAATC TAGTTTCTGT	1740
35	TTATACGAAA TCTAAATACA AAAATCATCT AAAAGAACT AATGAAAAAC GAATTAAAAA	1800
	TCTTTATTAT TAGCTGCTGG TGTATTATTT GTTAGTCCAA TTTCATTATC TTATAATTCA	1860
	GATGTAGCTC ATGCTGAAGA TAAGTTAGAC CATTCTCAAG CAAAGGTAAT ATATTTGAGT	1920
40	AACCAAAATT TATTTGATGA ACTTGAGAAA AAAGGTTATA AACTGGAAGA TATATTTACA	1980
	AAAGAAGAAA TAAAAAATA TAAAGCTGAA GACCAATTGA GAGCGGGTAA AACTCAATAT	2040
45	GTAGAAACAG GTAAAGATAC TGCAACATTA TATCTTTCTT CTGCATATAC AAAACAATA	2100
	GCTGCTTTAG GT	2112

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 488:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 454 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 488:

5 GTAGGCACAC ATCTGCCATA TAAACATTCT TTTATACTAG TGTTCTCATA TAGTGTAGAG 60
 TTATAGTCTC CTTCTTGAAT CTCGAATAAT TCAATCAACC TATCAACCTT AGTCTCTTCC 120
 GTTACTTCTT TTTCAATATC AACTATGAAG GGGATATCAA TTGGAATAAA ACTTGACGTC 180
 10 GAACACTTAT TTGTATTTGG ATGAAAACGA ACGAATCCAT CACTAAATCC TGTGAAAAA 240
 AATATTTTTC CTTGTGATAG ATCCGGATT TCTCGCGCCC ATTTAATTAA TTCATCTAAT 300
 CTCATTTCTT TTTTAACTTT GATTTTCATT GTTATATCTC CTCTTGAACA GTAAATTTAT 360
 15 CGTTAACTGA TACGTATCCA GTCACATTAC ATAAGATGCT ATCAACATCA AAAGTCACAC 420
 AACAGTTGCG TTCAACATCA TTTGAATAGA ATCT 454

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 489:

20 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1372 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 489:

30 TTGTCAGAAAT TAGAATGCTT TTGAGTTACT TCATAATACT CATCAGTTTT TTGTGTATCC 60
 TTTTGACTTT TATTTATTTT TTTCCACTTA CCAGTATGAC TTTCTTTTTT TACAGTTATT 120
 TTCGGTTTGT TAAAAAATG ATAACCGATG TTCTTTTGG TATCTGTGGA CTCTAAAAAG 180
 35 ACTGAATTGT TTTCTGATT ATCAGAATTG GTTGTTTGTT TATCGTCTGT ATATAACGTA 240
 TACCCATTCTG CTTTGCGATT TTCAATCGTT GTAACGGAT TCTTTGATGA ATCAGTACTT 300
 TTAATGCCAG TTCCTAAGAA GACAATTTTA TCGTTTAAATA TGAAATATGA TTTTTTGGCA 360
 40 GTTAAAGTTT TGTCTGATT TTCAAATCC ATTCCGATAC TAGCATGTTG GTCATCAACT 420
 TTTGTTCCGC CAACAAAAGT TTTACTCGAC TTTTATCAT CCGTATCTTT TAATATTTCA 480
 TTGTCTAAAG TTGTTGTACC TGATAAACGT TTCATATCGG CTGTCACCCA GAAGTTATCA 540
 45 TGATAGTGTT TGACATCGCT GTTATATAAA TAAGACATTC CAGCACCAGT GTGCCAACCT 600
 TTTAAATTCT CTCGGTTGAT ACTTTCATAG CGTGCTACGT TTTTCGACGT CATACTTAAA 660
 CCAAATGCAA AGTCTAAGTC TTTGTTATGA TAGGTGACAC GATCCATGTC ATTATATATT 720
 50 TTAAGTTGTT GTGTTAATCC GTTTTTAGAA ATACTGTTAT CTGTCATTAA AGACTTCATT 780

55

	ACTGAAGATT TGACAATCTT TTTATACTTA GCTTTTIGTTG AATCATCCAT GGCATCACTT	900
	AATCTCAACA ATGATTTTCAT TACTGTTGCA GATGCTGAGT GACTGGTTTC ATTTTCACGA	960
5	CTGATAGCTC TACCTCGTGA TAAATCCATC ATTTACACCTT TATAAATGAG TGGCATAAAT	1020
	CCGTCGTCAA TCCATGACTT TAAGGTTGTA TCATTTTGGG TTTTATCATT AAAAGGTGTT	1080
	TCTTTTATCA TCGGCATCAT TTGAGAAATC CCCTCTAAGA GTACAACGCC ATAAGCACCA	1140
10	GTGTATGGAA CGTCTTGATG ATCAATGTAA GAGCCATCTT TATAAAATCC ATTACGTTCT	1200
	TTACCAGTGG CAGAATCTTG AACGTAAGTG AAGACTTTAT TAAATGAATC TATAGACTTT	1260
	TTTCATCATAT CTTTATCTTC TTCGATAATA CATTCTAAAA GTTTCACCTT AGAAATGTCT	1320
15	ACTAnATTTC CGCCTTTAGC AAGTTCAGnT TTTCTACAC AAGATAATAT TT	1372

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 490:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 564 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 490:

	ACAACAATAT AGTAAAGCGT CGTTAATTAA ACAATGGGAC CAATTTGTTC GTCTTATATA	60
30	AATGTACTTT aCCTTTATTT TTACAAAAAT AGCATTTTCC TATGTCATTT AACTAAACAT	120
	GTAAGTTCGT ATGAACGAGG TTTGTTAAAT AGATGATTCT AGGAAAATGC TTTTTTCTTT	180
	TGACTTAGTT TAAATATTT TGCCACTTTG TACTGATAGT AGTTGCATTG TACTGTTGTG	240
35	CAGATTCTAT GCTATTAATT GAAACTGTT GCAATTTTGG AGTATTATTT AGTAATTGGT	300
	CGACCTTTTC AACCATTTGA TTGATGTCAC CTTGAGGTAC TAAATAGCCA TTAAATCCAT	360
	CTTGaATCAG TTCTGaTGGA CCATAATCTA CATCATAACT GATCACTGGT GTACCTACTG	420
40	AAAgCGACTC TAAAAATGCT AAGCCAAAAC CTTCCATTTT ACTTGTCGAT AACATCAGTT	480
	CTGCTTTAGC AATCTCTTCA TTAATATGCG TCTTAAACC ATGAAATTTA ACATGTTCCA	540
	GATATnATGA TAATCTTCTA CAAG	564

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 491:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1277 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 491:

	TATCCACCCC	ACGAnAGCCC	CGGAAACTTA	TTGTGTTACA	AGATATATAA	GCAGAAACGA	60
5	ACAACAGTTA	ACAAAATAAA	TGAAATTAAA	CGTTTTAAAA	ATGAAACAAA	TGAAATCATC	120
	TATTAGGTTA	TGAAACTGTT	TATAGCTTGA	ATAGAAGCAT	TTATTTTTTA	GGAGGACAAT	180
	TATTATGCGT	CAAACATTTA	TGGCAAATGA	ATCAAACATT	GAGCGCAAAT	GGTATGTTAT	240
10	CGATGCTGAA	GGCCAAACAT	TAGGTCGTTT	ATCATCAGAA	GTAGCATCTA	TCTTACGCGG	300
	TAAAAATAAA	GTAACCTTACA	CACCACACGT	TGATACTGGT	GATTATGTAA	TCGTTATTAA	360
	TGCATCAAAA	ATCGAATTTA	CTGGTAACAA	AGAAACTGAC	AAAGTTTACT	ACCGTCACTC	420
15	AAATCACCCA	GGTGGTATCA	AATCAATCAC	TGCTGGTGAA	TTAAGAAGAA	CTAACCAGA	480
	ACGTTTAATT	GAAAACTCAA	TTAAAGGTAT	GTTACCAAGC	ACTCGTTTAG	GCGAAAAACA	540
	AGGTAAAAAA	TTATTTGTAT	ATGGTGGCGC	TGAACATCCA	CACGCTGCAC	AACAACCAGA	600
20	AAACTACGAA	TTACGTGGTT	AATTAGAAGG	AGGAAATGAC	TTTGGCACAA	GTTGAATATA	660
	GAGGCACAGG	CCGTCGTAAA	AACTCwGtAG	CACGTGTACG	TTTaGTACCa	GGTGAAGGTA	720
	ACATCACAGT	TAATAACCGT	GACGTACGCG	AATACTTACC	ATTGGAATCA	TTAATTTTAG	780
25	ACTTAAACCA	ACCATTTGAT	GTAACTGAAa	CTAAAGGTaa	CTATGATGTT	TTAGTTAACG	840
	TTCATGGTGG	TGnTTCACTG	GACAAGCTCA	AGCTATCCGT	CACGGAATCG	CTCGTGCATT	900
30	ATTAGAAGCA	GATCCTGAAT	ACAGAGGTTT	TTTAAAACGC	GCTGGATTAC	TTACTCGTGA	960
	CCCACGTATG	AAAGAACATA	AAAAACCAGG	TCTTAAAGCA	GCTCGTCGTT	CACCTCAATT	1020
	CTCAAAACGT	TAATTGTCGG	ACGATATATA	CAAAACACCT	CGATATTATG	TCGAGGTGTT	1080
35	TTTTTGCGCT	TTTTGCGGCG	AATATGGAAT	GTGTAGAATA	TAAATGAATT	TTTACCTTCC	1140
	CACCATAAAA	GATGAAGAAC	CATGAATGTG	GAGAACAATA	AATAGTTGGA	TATTCTGTTA	1200
	TTTTTTTGGA	AGTGGAAGTG	GATTTGGAAT	ACTTTACTCh	AAACGATTAA	AAGGTTTAAA	1260
40	AAAACAACAA	AnAGAAA					1277

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 492:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- | | |
|----|----------------------------|
| 45 | (A) LENGTH: 673 base pairs |
| | (B) TYPE: nucleic acid |
| | (C) STRANDEDNESS: double |
| | (D) TOPOLOGY: linear |

50

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 492:

55

TTATTGACAT TGTTTTTATC CAAAATTCAT TGTTAAGACA TTTTCTTTAT GAAATAATAA 120
 TtATATTGAA GTATATTTTT ATTATTATTA AAAATAAATA AGGGGATACT TATGAGCACA 180
 5 AATCAAACAT TTTTAATATT TGTTATAGCA ATTATTCTAC TTACATCTGT AATAGGAATT 240
 GTTGGACGAT ACATGAGTCG TCAACGTCTA TTAAAATCTA TGGAAACATT ATGGCAAACG 300
 ATTTCTCCAT TAGAAGCTTT TATCAGACCG AACTCACATT TCGACTATGA GTATAAGCTC 360
 10 TACAAGGAAA AATTTGAATC ACATTCATTA GTTGATGATA AACTTGGTC CGACTTAAAT 420
 ATGAATGCAA TCTTTCATAA GATGAATTAT AATTAAACAG CTATTGGTGA AATGAAGCTA 480
 TATGCCTGTT TACGTGGAAT GCTTTCAATT ACGAACAAAT CATTACTTAG TTTATTTAAT 540
 15 GATAATGCTG AATTTAGAAA AAACGTAACA TATCATTTAG CTTTGATTGG tAAAACGTGT 600
 aTCCAACATT TCCAGACCAA ATCACACCGG KAAACGTCCA AATATATTGn TCTATGCCCC 660
 GTTTACCACT ATC 673

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 493:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1240 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 493:

AAAAAAGTT AATGCTGACG GTGTATTAAC TTTTGATATT CTAGAAAATA AATATACTTA 60
 TGAAGTTATT AACGCTATAG GGAAAAGATG GATTGTTAGT CATGTCGAAG GTGAAAACGA 120
 35 CAAGAAAGAA TATGTAATAA CTGTCATTGA TAGGAAATCA GAAGGCGACA GACAACTGGT 180
 TGAATGTACT GCTAGAGAGA TTCCCATAGA CAAGTTAATG ATTGATAGAA TTTATGTTAA 240
 TGTAACAGGA TCTTTTACAG TAGAAAGATA TTTTAACATT GTGTTTCAAG GTACTGGAAT 300
 40 GCTTTTTGAA GTCGAGGGCA AAGTTAAATC TTCAAAGTTT GAAAATGGTG GTGAAGGCGA 360
 TACAAGGTTA GAAATGTTTA AAAAGGGATT AGAACATTTT GGTTTAGAAT ATAAAATAAC 420
 GTATGACAAA AAGAAAGACA GATATAAGTT TGTATTGACG CCTTTTGCAA ATCAAAAAGC 480
 45 GTCTTATTTT ATTTCTGACG AAtCAACGCC AACGCTATAA AACTCGAGGA AGATGCAAGT 540
 GATTTGCGCA CCTTCATTAG AGGATATGGT AATTATTAG GAGAAaGAAAC ATTCGAACAC 600
 GCTGGGCTCG TAATGGAAGC TAGAAGTGCA TTAGCTGAAA TATACGGCGA CATCCACGCA 660
 50 GAACCATTTA AAGATGGTAA AGTGAAGTAC CAAGAACTA TGGATAAAGA ATTACAATCG 720

EP 0 786 519 A2

	TATCCAGAAG CAGACCCACA ACCCGGAGAC ATAGTACAAA TAAAATCTAC CAAACTAGGT	840
	TTGAATGATT TAGTCCGTAT AGTACAAGTT AAAACGATTA GGGGTATAAA CAATGTAATT	900
5	GTTAAGCAAG ATGTAACGCT TGGTGAGTTT AATCGAGAAC AACGATATAT GAAAAAAGTT	960
	AATACTGCAG CTAACATATGT TTCTGGATTA AATGATGTTA ACCTTTCTAA TCCTAGTAAA	1020
	GCGGCAGAAA ACTTGAAGTC TAAAGTAGCG TCAATAGCTA AATCAACACT CGATTTGATG	1080
10	AGTAGAACTG ATTTGATTGA AGATAAACAA CAGAAGGTAA GCTCTAAAAC TGTGACTACA	1140
	TCTGACGGCA CTATCGTTCA TGATTTTATa GATaAATCmA ACATTAAaGA TGTAAAAmCG	1200
	aTTGGAACGa TTGGCGATtC TGTAGCTAGA GGATCACATG	1240

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 494:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1311 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 494:

25	ACGGTGGATT TAGCCTAGAA GATTTAACGC ATCAAGGTAA ATTaTCAGCA TTTAGCTTTA	60
	ATGATCAAaC AGGTCAAGCA ACATTGATTA CTAATGAAGA TGAAAACTTC GTAAAAGATG	120
30	AGCAACGTGC TGGCGTAGAT GCAAATTATT ACGCTAAACA AACATATGAT TATTACAAAG	180
	ACACATTTGG TCGTGAATCA TATGaCAACC AAGGTAGTCC AATTGTTTCA TTAACGCATG	240
	TTAATAACTA CGGTGGTCAA GATAACAGAA ATAATGCCGC ATGGATCGGT GACAAAATGA	300
35	TCTATGGTGA TGGTGATGGT CGCACATTCA CAAGTTTATC GGGTGCAAAT GACGTAGTAG	360
	CACACGAATT aACACACGGT GTGACACAAG AGACAGCGAA CTTAGAATAT AAGGACCAGT	420
	CAGGCGCTCT AAATGAAAGC TTTTCAGATG TTTTGGATA CTTTGTAGAT GACGAGGATT	480
40	TCTTAATGGG TGAAGATGTC TACACACCTG GAAAAGAGGG AGACGCTTTA CGCAGCATGT	540
	CAAACCCAGA ACAATTTGGT CAACCAGCTC ATATGAAAGA CTATGTATTC ACTGAAAAAG	600
	ATAATGGTGG CGTACATACG AATTCTGGAA TTCCAAATAA AGCAGCTTAT AACGTGATTC	660
45	AAGCAATAGG GAAATCTAAA TCAGAACAAA TTTACTACCG AGCATTAAAG GAATACTTAA	720
	CAAGTAATTC AAACCTTCAA GATTGTAAAG ATGCATTATA CCAAGCGGCT AAAGATTTAT	780
50	ATGACgAGCA AACAGCTGAA CAGGTGTATG AAGCATGGAA TGAAGTAGGC GTGGAGTAAA	840
	AATATATAAA CaAGAAGAAG TAATGTTAAA CACTTATAAA TAATTAAATT TTAAATACAG	900

ATTAGATGAG AGGAGTGTGA GGGTTGTCTG CCGAAAGACT ACTCGGCAGT CTAAAATCAT 1020
TACAAGTAGT AGATATGTGA TAATTAAATG CTGACTTAGA ATACAAAATT CATTTTAAAA 1080
5 GTTGTCAACA AAAATTTACA TGTATTTTGA TTATCTTTTG CAAAACAAAG TGTAAATTA 1140
TAAATGAaAC ATGCATGAAT TTATTTTGA ATACAAGAAA CGTAACTACC AAAGGAGTTT 1200
ACAATATGAA GAAAAGTAAA CGATTAGAAA TTGTTTCTAC AATAGTTAAA AAGCATAAGA 1260
10 TTTATAAAAA AGAACAAATc ATTTATATA TTGAAGAATA TTTTGGTGTA A 1311

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 495:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1761 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 495:

TGCACTTTCT AAAAATACTT GCTTTACTTG TTCCAATTCC TTGTCAGACA TTGATTGGGC 60
25 TAATTTATTC ATTATTGCCT CAAATACGTT AATTATGTCA TCCATTTAG TACTATAAAA 120
ATCAAACCAT TTTGCCGTAT CTTTTCTCT ATTAAGCTTA TGATCACTTT GAGAGCGCTT 180
AGCTAATTCT GCATAAATAT ATGGACAAGG TGCCATTGCA GCAATTGTAT AAATAGCATT 240
30 TTCACGACTA TGCGCTTGGA AATACATATG TTTTATGTAA TGGTCGCCAC TTGGAGGCCA 300
AACTTTTGT TTAATGATTT CTTCGTATGA TTCACCAACA ATTTGCGCTA AAATATCATG 360
CGCAAGTACT TCACCTTCAA CCATAAATTC TATTTGCTCT ACTAAAAATT TTACGTCATT 420
35 CATGCTATTC ATTTTGGAA TTAACAAAGC ATATAAGTTT GTAAATTCTT TTAAATACGC 480
AGCATCAGCT TTTAAGTAAT GGCGTAATGC GTCAGcTCCT ATATCTCCGG ATAACATCTT 540
CTGAATAAAG TCATCCTCAT AAATATCATT AATGATTGGC TTTGCAGCTT GGTACAATTT 600
40 TTGTGAAAAT TCCATTGTAA AAAATCCTCC CTAAATAAAA AAATACTTC CAACATGAAA 660
GTAGTTTGAT GGCAATGTTG CTATACTAGC CCCATCACTT CAATAACTAC TTCTCTACGT 720
TGGTACTAAC CAAATCAGGT CATAAGGGTC TGAACAATTC ATCTCAGCCA TATCATTAGG 780
45 CTCCCCTAGT AGTTCCTTAG TATTCAATTG CAAATTAATC TTAGCAAACG GTTCAACAT 840
TTTCAATTAT TGTTGCTCAG TTGTATTATT ATCTTTAAAT AATAATTCTA TAATGACATA 900
TATTTGCGAA ATAAAAAAC CGGAACATAT CGAGAATTCC CCGATATATT CCAATCTAAA 960
50 AGTTACTTAT ATAACATTA ATTAGCTATG CATAAATGGC TTATGCAGTA ACCCAATGTC 1020

TTGCTGGTGA TACACCTTTA TATTTAGCAG GTGCTACTGA ATCCCAAGTT GATTGTAAGA 1140
 ATTGATACTT ACCAGCTGCA CCTGgATGTT GGrTTTACAG CATGAATATT GCCACCTGaT 1200
 5 TCACGTTGrG CAATTTGTTT TAGATGAGCa TTCACATTTA CTGATGAACC TTCTGATGAT 1260
 TTTGATyCAG TTGGTGTTCG AGTAACTTGT GAATTGTTTG ATGTTGATGC TTGTGGTTGT 1320
 TGAGTTTGAG CATTTTGTGG TGCTTCAACT TCTGTGATT GTACTTGATT AGCTTGAACA 1380
 10 GCTGATGGTG CAACATTATT AGTTGCAGGT GCTGTGCAC TCATGTCTGC TCCATTAGTA 1440
 CCTGTGTCAT GGTAATTCCA AGCAAAGTGT GTACCATCTG ATTCAAAGTG ATAAGTAAAC 1500
 CCTTCATAGT CAAATGTATA ATTATAAGCC CCAGCTTCAA TTGGTTTTTG ATTTAATGTT 1560
 15 TGATCATTTG ATTGCGCCAT TTGCCTGAAA GATGCTTTAT TTAAGTCCGC TTCACnTGCA 1620
 TGGGCTTCGT GGACCTGCAT TTCCTGGCTA CGATTCTTAA ACCTACTGGC nAAnGATGAT 1680
 GCGAGTAATG TTTTCTTCAT AATCTTAAAA TCCTCTACA AGTGAATTTG TGTCTCTAAA 1740
 20 AGTTTTACAG TGGACGACTG T 1751

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 496:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 794 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 496:

TCATTTATGA AAAATGTCGG AnAGAnCCaa GaAAmaCAAT TGAgCGTGAA GAAAAAGCAA 60
 35 GACTTAAAGA AGAACAAAAG GCACGTCAAA ATGAACAGCC ACAAATAAAA GATGTGAGTG 120
 ATTTTACGGA AGTGCCCTCA GAAAGAGATA TTCCAATTTA TGGGCATACT GAAAATGAAA 180
 GTAAAAGCCA GAGTCAACCA AGTCGAAAAA AACGAGTGTT TGATGCAGAG AATAGTTCGA 240
 40 ATAACATCGT AAATCATCAT CAAGCAGATC AGCAAGAACA ATTAACAGAA CAAACTCATA 300
 ACAGTGTGTA AAGTGAAAAC ACTATTGAAG AAGCTGGTGA AGTTACGAAT GTATCGTATG 360
 TTGTTCCACC GTTAACTTTA CTTAATCAAC CTGCAAAACA AAAAGCAACA TCTAAAGCTG 420
 45 AAGTGCAACG TAAAGGACAA GTACTAGAGA ATACATTAAA AGATTTTGGG GTAAATGCAA 480
 AAGTGACACA AATTAAAATT GGTCTGCAG TAACTCAATA TGAAATTCAA CCAGCTCAAG 540
 GGGTTAAAGT GAGTAAAATT GTAACTTGC ATAATGATAT TGCATTAGCT TTAGCAGCAA 600
 50 AAGATGTTAG AATCGAAGCG CCAATACCTG GTCGTTCTGC AGTAGGTATT GAAGTGCCAA 660

ATAAACTAGA AGTTGGATTA GGaAGAGATA TATCAGGTGA TCCAATTACT GTTCCACTAA 780
 ATGAAATGCC ACAC 794

5 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 497:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1161 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 497:

15 AGCCAGTTTT GcATTTCGTC AAATCGCAAT GAATATATTG ATTGCTTGTC AAAATTTGGA 60
 AGAAATTTAT TCTTCTTTTT CTITTCAGCA GTTATCATTG CTAATTGTCC TTTCTTTTTA 120
 TCTTAGTGAT AAAGAATCCA TCTGAATTAA AGTCTTGCGG CATGATTTGT AACGTTTTGA 180
 CCAACTCTCC AGTTATCGGA TGTGAAACG GTTCAAATTC GAAGTTTTTA TTATTTTTCA 240
 AAAACGTATA AATCACGTTT TCATTTTCTA GTTGCTCAAT TGTACATGTT GAATAGATGA 300
 TTTCTCCACC TATTTTTACA TTGTTTTTTA CATTTTCCAA TATTTCAAGC TGTAATTCAA 360
 CTAGTGACTC AATATGTTGT TTGCTTTGAG TATACTTAAT CTCCGGCTTA TGTCTCATTG 420
 CACCTAATCC GCTACATGGT GCATCAACAA GTATCTTATC GTATGTTTTA TCATAAGGTT 480
 TTGTCGCATC ATGTTGAAAA GCTTTAATAT TTGTTAATCG TAATThTTTT ATATTAAAT 540
 TAATTAAGTC TATTTTGTGA TCATGTATAT CTGAAGCGTC AACTTGCCCT TCTGGCATTG 500
 AAACCTCAGC AATGTGACAA GCTTTACCGC CAGGTGCACT ACATGCATCT AATACGTGAT 660
 CATGTCCGTC TACATTCATA ATGTGTGCAa CAAACATTGA GCTTTTATCT TGAATTGAAA 720
 CGAATCCATC TTTAAATGAA CGAGAATGAA TAATTGGTTG TCCTCCTATA TGGAGACAAT 780
 AAGGTAAGTC ATGATCTTTT TCAACGTCAT AACCTTCGTC TTGCAACTTT TCAATAATAT 840
 CATCTAATGA TGCTCGCGTC AGGTTGGCAC GCACAGTTGT TGATGTCGTT TCTAAAAATG 900
 ACTGTAAAAT TTTTTCAGTT TCTTCGAGAC CATAATGTGT TGCCCAATGA TCTATAATCC 960
 ACTTCGGCAT ACTATACTCG ATTGCCATTG TTTTTTTAGG ATCTGCAATT TCATTAAAAT 1020
 CAGGTAAGTC ACTACGCATC ATTGTACGTA AAATACCATT TACGACATTA CCATTATGAT 1080
 AGCCACCGCG TTCTTTTGCT ATTTCAACTG CTTCAATTAAT AATGGCATGA TTTGGAACCT 1140
 TATCTAaATA nACATATTGA T 1161

50 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 498:

(A) LENGTH: 1504 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 498:

10	AGCTCACGTC ATCTTCGGCG GCGCTAAATT AAAATAATCA ATTTCTGAGT TAAACTTTTA	60
	TTTACAACAT ACTATTACTA TACATTACAA ATTTTAAAAA TATACATTAC ACTCATTACT	120
	CAATGGmAAG CGTATGATTT CmCAGCCCCC CTAGCTTGTA GAAATCATAC TTTCTTTTTT	180
15	TCAATATATA TACAACCTATT AAATCCCATA AGATTGCAGA GCACATAAGT AAATTTTTTTT	240
	AGAGCTTGAG GTTTGTTTAG CTTAAGCAAC CCATGAGCTC AAACACTTCC TGTTACATA	300
	AACTACAAA TCGCATTATG TTGCTTAATC TTATGTTTAT ATAAATTACA CACAATAAAT	360
20	AGAAAGAATG TGAACATCAT GAATAAATTA TTGCTACTCG TTACATTTAT CATTCGTGTG	420
	GGTTCAGGTA TTGTTATGTT AATGCAAGGC TACGAAAAAT TAACGGGCGG ATTTACGCTG	480
	AAAGGTTTAG TACCAGTCAT CGCTAACAAT ACTGATTCAC CAGAGTGGTA TAAGTGTTT	540
25	TTCGCAAATA TAGTTGCACA TACGACGTCA TTATTGATA TTGTTGTCCC ACTCGGAGAG	600
	ATTGCAATTG GATTAGGTTT AATTTTTGGA GTTTTTCAT ATGCTGCTAG TTTCTTTGGA	660
30	GCCTTTGTTA TGATAAATTA TATCTTAGCA GATATGATAT TTACGTATCC TCTTCAATTA	720
	ACTTTCTTTA TCCTTTTACT AATGAGTCAC TCATTGTAA AACAGATTTC ACTTAAAGAA	780
	ATCATTAAAT ACTTTAGAGG TCGTAAGAAC AGAGGTGAAA AAATAGATGA CCCACTTACT	840
35	GATCGTGGAT GATGAACAAG ACATTGTAGA CATTTGTCAA ACCTATTTTG AATATGAAGG	900
	TTACAAAGTA ACAACGACAA CTAGCGGTAA AGAAGCAATT TCTTTACTAT CAAATGATAT	960
	TGATATCATG GTACTTGATA TCATGATGCC AGAAGTTAAT GGTACGACA TTGTCAAAGA	1020
40	AATGAAAAGG CAAAAATTAG ATATCCCCTT TATCTATTTA ACTGCCAAAA CACAAGAACA	1080
	TGATACCATT TACGCCTTAA CTTTAGGTGC AGATGACTAT GTCAAAAAAC CATTTAGTCC	1140
	AAGGGAACCT GTTTTACGTA TTAATAATTT ACTTACAAGA ATGAAGAAAT ACCATCATCA	1200
45	ACCAGTTGAA CAACTGTCGT TTGATGAATT AACACTTATT AACTTAAGTA AAGTtGTGaC	1260
	tGTAAaTGGT CACGAaGTCC CTATGCGTAT TAAGGAATTT GAGTTATTGT GGTATTTAGC	1320
50	TTCTAGAGAA AATGAAGTTA TTCTAAATC AGAATTACTT GAAAAAGTTT GGGGATATGA	1380
	CTATTACGAA GATGCTAATA CCGTGAATGT CCATATACAC CGTATTAGAG AnAAATTAGA	1440
	AAAAGAGAGC TTTACAACAT ATACCATCAC AACTGTATGG GGATTAGGAT ATAAATnTGA	1500

55

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 499:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1623 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 499:

ATTGAAAGCG ATAATTCGTA nTAATTGAGT TTGTTGAAAA ATTTAGGGTA ATGTAAAGAT	60
ATAAAAGATA CATAGAyTGG AGAGATATAA AGATGTTGAA TGAGATACAA ATATTaaATA	120
aTGGATACCC GATGCCTTCA GTTGGGTTAG GTGTTTATAA AATCTCTGAC GAAGATATGA	180
CTAAAGTTGT AAATGCTGCA ATTGACGCAG GCTATAGAGC GTTTGATACA GCATACTTTT	240
ATGATAATGA GGCTTCACTA GGACGAGCAT TAAAGGATAA TGGCGTCGAT AGAGAAGATT	300
TGTTTATAAC AACGAAGTTA TGGAACTACT ATCAAGGTTA TGAGAAAACA TTCGAATATT	360
TCAACAAATC GATTGAAAAT TTACAACTG ATTATCTTGA TTTATTCTTA ATACATTGGC	420
CTTGTGAAGC AGATGGTCTA TTTTtagAAA CATATAAGC TATGGAAGAA CTTTACGAGC	480
AAGGTAAGGT AAAAGCAATA GGTGTATGTA ATTTTAATGT TCATCATCTA GAAAAATTAA	540
TGGCTCAATC AAGTATCAAA CCAATGGTGA ATCAAAATGA GGTACATCCA TATTTTAACC	600
AACAAGAATT ACAAGAATTT TGTGATCGTC ACGATATTAA AGTGACTGCA TGGATGCCTT	660
TGATGAGAAA TAGAGGACTA CTAGACGACC CTGTCATTGT TAAAATTGCT GAAAAATATC	720
ATAAACACC AGCACAAGTT GTATTACGTT GGCATTTAGC ACACAATAGA ATTATTATTC	780
CAAAATCTCA GACACCTAAA CGCATTCAAG AAAATATAGA TATTTTAGAT TTTAATTTAG	840
AATTAACAGA AGTAGCTGAA ATTGATGCTT TAAATAGAAA TGCAAGACAA GGTAAAAATC	900
CAGATGATGT GAAAATTGGG GATTTAAAAT AACTGGATGT TAAATTTTAC GTTTATGAAT	960
GCCTTTTAAT GTGTACATTA AAATAAATGA GTTGGTTTTT ACTATTGAT AAAACAATAC	1020
TCAGGTACAT TCAAAATCTT TTAAATAAAA AGGATGGACA TAGATGAAAA TTAGAGTCGT	1080
CATTCCTTGT TTTAATGAAG GGAAGTCAT TACACAAACA CATCAACAAT TAACTGAAAT	1140
ACTTTCACAA GATAGTAGTG TGAAAGGCTA TGATTATAAT ATGCTTTTCA TAGATGATGG	1200
TAGTACGGAT ACCACTATAG ATGAAATGCA ACATCTTGCC ACAATAGATA GGCATGTCAG	1260
CTTTATTTCT TTTAGTAGAA ATTTTGAAAA AGAAGCAGCT ATGATTGCAG GTTACCAGCA	1320
TAGTACTGAA TTTGATGCAG TCATCATGAT AGATTGTGAT TTGCAACATC CACCTGAATA	1380

TAGAAGTGGT GAAAATTTTA GTCGCAAAAC ATTAAGCCAT TTGTATTATA AGTTAGTTAA 1500
 TTGCTTTGTA GAAGAAGTAC AATTTGATGA TGGTGTGGT GATTTTAGAC TTTTAAGCCA 1560
 5 AAGAGCTGTT AAATCCATTG CATCACTTGA AGAATATAAT CGnTTTTCAA AAnGGnTATT 1620
 TGA 1623

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 500:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 605 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 15 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 500:

20 AAAGTnGGTG AAnCTATATA CTTAATCTAT ATTTATATAT TAACCATTAG GGTAAAAAAT 60
 TACTCTAGCA TTTATGAATA GATGGGAGTT TATTTTATTA TTATATAGGA GAGATGTTGA 120
 ATGACACATC GCGCACTATT AGTTGTTGAC TATTCATATG ACTTTATCGC AGACGACGGC 180
 25 TTACTAACAT GCGGTAAACC TGGACAAAAT ATTGAAGATT TTATTGTTTC TCGTATCAAT 240
 GACTTTAATT ATTATCAAGA CCATATATTC TTTTTrTGG ATTTACATTA TTTACATGAC 300
 ATTCATCATC CTGAAAGTAA ATTATTCCCA CCACACAATA TCGTAGATAC AAGTGGTAGA 360
 30 GAATTATACG GTAAAGTAGG TAAATTATAC GAAACAATTA AAGCGCAACC TAATGTACAT 420
 TTCATTGATA AAACGCGCTA TGATTCGTTT TTTGGTACCC CGCTTGATAG TTTATTGAGa 480
 GAAAGAAGTA TTAATCAAGT CGAAATCGTT GGTGTATGTA CCGATATTTG CGTGTTACAT 540
 35 ACAGCAATTT CTGCATACAA CTTAGGtTAT AAAATTTTcAG TACCTGCTGA GGGAGTGGCT 600
 CATTt 605

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 501:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1739 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 45 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 501:

50 TAGGTTnAAA GCATAGnTTT nTCAAAAAGA CAAATCATTC ATATATTGGA GGATATTTTG 60
 GTGTAAGATA TAGTGCAACC ACAATTGCTA AAGACTTGAA GGAACtAAAT ATATATCGTG 120

	TGAGAGAAAA GTTTAGACAC TATTGTGAAC ATGAAGTTCT AAGTTCAATC ATCAATGGTT	240
	CATACATTAT CGTCAAAACC TCACCTGGTT TCGCCCAAGG CATAAACTAT TTTATCGATC	300
5	AGCTAAATAT AGAAGAGATA TTAGGTACGG TGAGTGAAA TGACACTACA TTAATCTTAA	360
	CTGCCTCAAA TGATATGGCA GAATACGTAT ATGCAAAATT ATTTAAATAG ACATGTATCA	420
	AATGAATAAT AAAAATTTGT TTCGTATCAC GTGTACTCAA GTTAGTTACC AAATATTAAC	480
10	TTGTGTACGC GTTTTTTTAT GGAAAGAAAG AATTCATAGT CATTCAATTG ACTGTATAAA	540
	AACTTTTATA CAACATGTTT TTATGGGTAT TTTTGAATAA AAAATGTATA TTTTGACCCA	600
	AAATACCTTT ATTTATGTAT AAAAATCCAT TATTATGTAT TGTATAACAA AAAGATATGA	660
15	AATTTTCGAC TTTCTTTATG TGAATATAAT CACATGTAAG CGTTTGAAGA TTGTCTATAC	720
	TCTAAATGAA TTCAAAGATA AAAGGAGGAA ATAGACATGA CAGATGGTCC AATTAAAGTA	780
20	AATAGCGAAA TTGGAGCTTT AAAAATGTG TTAATAAGC GTCCTGGaAA AGAATTAGAA	840
	AATTTAGTAC CTGATTATTT AGATGGATTA CTATTTGATG ATATTCCATA TTTAGAAGTA	900
	GCTCAAAAAG AGCATGACCA TTTTGCGCAG GTGCTAAGAG AAGAGGGTGT TGAAGTACTT	960
25	TACCTTGAGA AGTTAGCAGC TGAAAGTATT GAAATCCTC AAGTAAGAAG TGAATTTATT	1020
	GATGATGTAT TAGCAGAGTC TAAAAAACA ATATTAGGTC ATGAAGAAGA AATTAAGGCA	1080
	TTATTTGCGA CACTTTCTAA TCAAGAACTT GTAGATAAAA TAATGTCAGG GGTACGTAAG	1140
30	GAAGAAATTA ATCCGAAATG TACACATCTA GTAGAGTATA TGGATGATAA GTATCCATTC	1200
	TATTTAGATC CAATGCCAAA CCTTTATTTT ACTAGAGATC CACAAGCCTC AATAGGACAC	1260
	GGTATAACAA TCAATCGGAT GTTCTGGAGA GCACGACGAC GAGAATCAAT ATTTATTCAA	1320
35	TATATTGTAA AGCATCATCC TAGATTTAAA GATGCGAATA TTCCAATCTG GTTAGATCGA	1380
	GATTGCCCAT TCAATATTGA AGGCGGCGAT GAACCTGTTT TATCTAAAGA TGTCTTGGCT	1440
40	ATAGGCGTTT CAGAACGTAC ATCTGCACAA GCTATTGAAA AGTTAGCGCG ACGTATTTTT	1500
	GAAAATCCGC AGGCGACGTT TAAAAAAGTA GTAGCAATTG AAATCCAAC TAGTCGAACT	1560
	TTTATGCACT TAGATACAGT ATTTACAATG ATAGATTATG ACAAATTTAC AATGCATTCA	1620
45	GCCATTTTAA AGGCAGAAGG CaATATGAAT ATATTTATTA TTGAATATGA TGACGTAAAT	1680
	AAAGATATTG CCATCAAACA ATCTAGTCnt TAAAAAGATA CTTTAGAAGA CGTACTAGG	1739

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 502:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1745 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 502:

5	CTGTACATAC AGCAATATCG TTAACAAATG AAAACAGTAT TTTAGGATTG TAAACCATGA	60
	TAAACCTAAA ATACTGTTAT TTTTATTACT TAAATTTCTT CTTCAATGCC TTTTCAACAT	120
	AAGGTGGAAC GAATTCAGAA ATATCTGCTC GATAAGCTGC AACTTCTTTA ACAATACTTG	180
10	AACTTATAAA TGAATAATTA GTACTAGACA TCATATATAA CGTTTCAATT TCATTGTTCA	240
	ACTTTTTATT CATTGAAGTT AAGCGTAATT CATATTCAAA ATCACTGACT GCTCTTAAAC	300
	CACGTATGAT TGTTTTAGCT CCTACTTGTT CACAATAATC GACTAGTAAA CCACTAAATT	360
15	GATGAACCTT GACATTAGGT AAATGTTTAA CAGATTGTTT AATTAAATCC ATACGCTCTT	420
	CTAAACTAAA CGTACCTTCT TTTTACTAT TTTAAGAAC ACAGACATGA ATTCATCAA	480
20	ATCTATCTGT ACTTCTCTCA ATAATGTCTA AATGACCATA AGTAATGGGG TCAAAACTAC	540
	CCGGAATGAC CGCTATTGTA TGTTCCATGC TATTCTCCCT TTTCTAATAA CAATGTGTCT	600
	GTCAACCCAT AATGGTAACG TTTAATCATA TTAAACGGTT GATAATCAT TTCTTCATGA	660
25	TTGCTAAATT CACAAACGAT GATACCATTT TCTTTCAATA AATTAACTC TGAAATTAGT	720
	TTTAAAGCTT TATCAATGAG ACCTTTATTA TAAGGTGGAT CTAAGAAAAT GACATCAAAT	780
	TGAATATCAC GTTTTGACAA TGCTTTTAAA GCTCTATCTG CATTATTTTT ATAACTTCA	840
30	GATTGTGCCT CTAAATCCAA ATTCGCAAGA TTTGaTTTAA TAACTTTTAC AGCTTTAAAA	900
	TTTTGaTCAA CAAAGATTAC CTTATCCATA CCTCGAGAGA GTGcTTCTAT TCCAAGCGCC	960
	CCGCTTCCTG CAAATAAATC TAAACCTATA CCTGACACAT CATATAAACT ATTAAAGATA	1020
35	CCTTCTTTAA CTTTATCCAT AGTTGGTCTC GTATTACGGC CTTCCATACT TTCTAAAGCT	1080
	TTACTTTTAT GTTTACCTGC AATGACGCGC ATGTTGTTCA CACTTCCAAT TCATTTAGTT	1140
40	ATTTAATATA ATTTATTGAG AAAAAGGAGA ATGATAAACC AATGAAACAA ACATTATTA	1200
	CACTTGGTGA AGGTCTAACA GATTTGTTTCG AATTCATGAC GATGATTGAA TATAACCATC	1260
	AACGTATTGA TAAATTATC TATTTTCATT CACCACAAGC TGAAAATAAA AAGTCATCTG	1320
45	TAGCAATCAT TATGAACCTT ACAACTGGCA ATCATTCCA AGCATTTTAT ATCATGATAA	1380
	ACGCTATTAA ATATCCATAT CCAGATTCAA ATAAAAAGTT TCAAATGATA AATGATTGTG	1440
	CTGAAAAATT CGACATACCA ATTTTAGGTA TCGATGTACA GCCCCCTCAA GCATTTCATG	1500
50	ATTTATCGTT ATATTATAAT TATTTAATTA GTGTGTTAAG GCTCCAAAAA TGGATACCAG	1560
	aACTTCAATA ATATTAATTA TATATTCGT GTTTCTCTTT TTCGTAAGTT TTCTTAAAGT	1620

55

TTTGATCAAC ATCTTGCTCA TTCACATACA TAATTACAAA TTTACGATCT CTATTTGAAT 1740
GAACG 1745

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 503:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1035 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 503:

TCGTCTTTAA TCTTGCTGAC TTTAGAAGGC TTACGAGTGC GGTACCATT TTTGTCATCT 60
TTAACTGATT GAACTAAAGC TtGACGTGTA GATTTATCAG CTAAACTAAT TGCACCACCA 120
ATTACGGCAC CAATTAAAAT ACCAGGAACA AATTTATTTT CCATAAAAAA CTACCCCTCT 180
TTCAAATTTG CATCTTTTAC GATGTAGTCT ATTAAATTAT CACAAGATGA TAATACCATG 240
TCGTATACAC CTTCAAAATT ATTCGTGTAG TATGGATCTG GTACATCACT CTCTCCATA 300
TTACTAAATT CTAACAGTTT GAACAATTGT CCCTTAAGAT TAGGATTGAT AGATTTAATA 360
TTATCAACGT TACTTTGATC CATAGCCACA ATGTAATCAA AATCATCTGT CGCTTCGAAT 420
AATTCATAA TCATGCCATC AAATGGAATA TTGTGTTTGT TGAGAATTTT TTGTGTACCT 480
TCATGAGGTG GCTCTCCTAA ATTCCAGCTA CCAGTACCTC TTGAATGTAC TTAAATATCA 540
TGAATATTC TGTCTTTAAG TCTTTGTCGC ATGATTGCTT CTGCCATTGG AGAACGACAT 600
ATATTGCCAA GACAGACAAA TGCTACATCT ACCATTTTGA TTCCTCCAAA CTATGTAGTT 660
ATATCCCAT TTTATAGCGA CTTTAAACAA TAAGAAAGCA GATTATATAA AATTCTATTA 720
AAGTTTATTA AATTGTGATA CTTTGATAAC ATAECTATTA TTAGAGGTGA ACATTGTGGC 780
TATGACAAAT GAAGAGAAAG TnTTAGCTAT TAGAGAGAAG TTAAATATtG TTAATCAAGG 840
ATTATTAGAT CCTGAAAAAT ATAAAAATGC AAATGaAGAA GAATTAACAG ATATATATGA 900
TTTTGkTcaA yCAAGAGaAA GATTGTGCGC AAGTGaAGTG mCAGCTATTG CTGaCGCTTT 960
AGGACAATTG CGACACGAAT AGGAGTGGGA ATTTTGAATA ATTACAAAGA AAAGTTACAA 1020
CAATACGCTG AACTA 1035

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 504:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1284 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 504:

5	AnCCTGACAA GATTCTTATA TTCATAGATA TGAGAGCTAA AAATGAAATC AACAAACAnA	60
	CAATAAAGTA AACGATAATA GCCCATATAC CATTTTGTAA CCATATTACA AATTGTGTTG	120
	TATTATAGCC ATTTCAGCT AATAATTGCT GGATAAATGC ATTATTGTTT AATGTATTTT	180
10	CAAGATTAGC AAtCGATGTG TTATTACTGA ATGAAACAAG TGCTATAAAC ATCGTAATGA	240
	CAGTAAGCAC TAATAACATC ACCCAACATA ACCAACCTAG AACTTTTTCA GTTAATCTAC	300
15	TTACTGGACG TTTAATTTGA GTAAATTGTT CTCCAGTCAT TCGTTACAAC TCCTTATAGT	360
	ACTTATCCCG TTATTATAAC TAAATATACA GTAAATAACT ACTATTTATG ATTTTATTTT	420
	AATGACATTT TGAAATTCAA AAAGTTTTCA TTGTATTCAC TTAAAACTTC AGGTCCTAAA	480
20	TCTTTATAAA CTTCAAGGCG TTCTTGCTCT TTCTTAGTCG GATAAAAACG ATGGTCGTCT	540
	TTAATCTCTT TAGGCAACAA TTGTCGAGCA GCCTTGTTTG GCGTTGCATA GCCTACGAAT	600
	TCTGTATTTT GCTTGTTATT TTAGCATCT AATAAAAAAT TCATAAATT ATATGCACCC	660
25	TCTTTATTTT GTGCCGTTTT TGAATTACC ATATTGTCGA ACCATAAATT CGATCCTTCT	720
	TTAGGAATAA CATAATTATA TTTATCCCCT TCTTGCACTA GAGGTGCTGC AACACCACTC	780
	CAAACAACCG CTATGTTACC TTCATTTTGT TGAAGCATCA TGGTAATTC ATCACCTACG	840
30	ACACCTCTTA CTTGTGGTGC TAGTTTGGTT AAATCTCGCT CTGCTTCTTT TAAATGGTGC	900
	GAATTACGGT CATTAAGATT ATACCCAAGT TTATTCAAAC TCATGCCTAT AATCTCTCTA	960
35	GCACCGTCAA CTAGTAAAT TTGGTTTTTA AATTTAGGAT TATACAATGA CTTCCAATA	1020
	TCAAATGATT CATTTGGATA CTTTCTTTA TTATATAAAA TACCTACAGT TCCAAAGAAA	1080
	TAAGGTAAAG AATATTTATT GCCTCTATCA AATGACATAT TCATATAATC TGAATCTAAA	1140
40	TTTTTAATAT TAGGTACCTT ATTATGATCT ATTGGTAACA ATAAATGATC TCTTTTCAAT	1200
	TTTGAAC TG nATATTCAT AGGAnAAGCA ACATCATAAT GTGTACCGCC AGTGCGAATT	1260
	TTGGnGTCCA nCGCTTCATT TGAA	1284

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 505:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 5763 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

	ATAATTAACA TCTTTTGCTA TATACCACCA GTTTGATACA TAAAATATCG CAGCAATAAT	60
	ATCATGTTTA ACCCTAATGA TATTATCTGA TTTTAATAAT AAGGTTGCTG TCCCTACAAC	120
5	CATTAATAAAA ACTATGACTG CTGGTAATAA ACGTTTTAAA CGACGTATCC AAAAGCTTTT	180
	CAATTTAATG ATACCTGTGT CATCATACTC TTTGAGTAAT AAGCTTGTA TTAATAAACC	240
10	AGAGATCACA AAAAATGTAT CCACACCTAA AAAGCCACCT GtCAACCATT GCTTATTTAA	300
	GTGGTAAATA ATAATTCCTA GAACAGCGaT TGCCCTCAAA CCATCGAGCC CTGGAATATA	360
	TCTCATTTTC TTATACTTTG TAAAACCCTT TGTTTTGTC ATTTTTCAT TCTCCCTTT	420
15	TAAACTGTT CTTCTTAGAT GCTTAATTAA ATTTAGTTAT GCTGTTTAA AGAATATTGA	480
	AATGCATATG TATATTATTG AATTACGACA TCATCAAAAT CATATTGACT AAAATACTGT	540
	TAAATTAAAA AAATTACCAA TGATGATTCT TACTTCGAAA TCCAATTTGT AATGCAACTC	600
20	GGCAACTTAA AACTATGAA GTATTATGTA TTGTAATATA ACTGTAATAT AAATTCAATT	660
	TATTATAAAA ATTTTCAAGA AAATATTCAA CTAGAAAATG AATTGTGCAC TCTTGGAAGT	720
	GCAAGTCACT GTCTTAATTC ATATTTTTTG AAACAAGTTA GATATAAATT TTCAAAATAA	780
25	AATCAGAAAC TAGAACATAA ATAAGGCTCC CTTCAAAATT TTCATTTTTC AATGTCTACT	840
	TTGAAGGGAG CTTATTCACA ATGAATTATA CTCTACAATG TTATATTGAC TCGGGGCCCA	900
30	AACACAGAGA ATTTCGAAAA GAAATTCTAC AGGCAATGCA AGTTTATGTT AGCTCACACC	960
	AAGTGCAATC TTAGCGTAAC GTGACATCAT ATCTTTTGTC CAAGGTGGAC TCCATACGAT	1020
	ATTCACCTCA GTATCCTGAA TTTCAGGAAT CTCTGCTAAT ACTGTTTTAA CTGatCAAT	1080
35	AATTTGAGGT CCCATTGGAC ATCCCATTGA TGTAAAGTC ATATCAACTG TACATACGCC	1140
	TTCATCATCA ACATTCACCT TGTATACTAA ACCCAAATTA ACGATATCAA TTCCTAATTC	1200
	AGGGTCAATT ACCATTTCTA ATGCACCTAA GATACTATCT TTCAATGCCT CTTCCATCCA	1260
40	TATCACCTCT TTAATGTCAT ATTATTGATA ATATATCAAA TATCCGACAA AACGCCAATA	1320
	AAATGCTATG ATGTATCTAT ATGAACTAAG CAACTTATGA GGAGAGAGAT ATGCAACCAC	1380
	ATTTAATATG TCTAGACTTA GACGGAACAT TATTAAACGA TAACAAAGAA ATTTATCAT	1440
45	ATACTAAACA AGTATTAAAT GAATTACAAC AACGTGGaCA CCAAATTATG ATTGCGACTG	1500
	GCAGACCTTA TCGTGCAAGT CAAATGTATT ATCATGAATT AAATTTAACG ACACCAATTG	1560
50	TTAATTTTAA TGGCGCTTAC GTACATCACC CTAAAGATAA AAACCTCAAA ACTTGCCATG	1620
	AAATTTTAGA TTAGGCATC GCACAAAACA TTATTCAAGG ATTACAACAA TATCAAGTAT	1680
	CGAATATTAT AGCAGAAGTG AAAGATTATG TTTTCATTAA CAATCATGAT CCAAGATTAT	1740

55

	AAGAATCCCC TACCTCAATT TTAATTGAAG CCGAAGAAAAG TAAAATACCT GAAATCAAAA	1860
	ATATGCTTAC TCATTTTAT GCCGATCATA TTGAGCATCG ACGCTGGGGC GCACCATTC	1920
5	CTGTCAATTGA AATTGTAAAA CTTGGTATTA ATAAAGCAAG AGGCATTGAG CAAGTTAGAC	1980
	AATTTTAAAA TATTGACCGA AATAATATTA TTGCATTCCG TGATGAAGAT AATGATATTG	2040
10	AAATGATTGA GTACGCGCGT CACGGTGTG CTATGGAAAA TGGTTTGCAA GAACTTAAAG	2100
	ATGTAGCGAA CAATATTACA TTCAACAATA ATGAAGATGG CATTGGTCCA TATTGGAATG	2160
	ATTTCTTTAA TTTAAATATT AGATATTACT GTTAATTTAT AACTAATCAT TTTATAATAT	2220
15	TTTAAACAA TAGGAGGTAA GTTACGATGC CCAAATAGT CGTAGTCGGA GCAGTCGCTG	2280
	GCGGTGCAAC ATGTGCCAGC CAAATTCGAC GTTTAGATAA AGAAAGTGAC ATTATTATTT	2340
	TTGAAAAAGA TCGTGATATG AGCTTTGCTA ATTGTGCATT GCCTTATGTC ATTGGCGAaG	2400
20	TTGTTGAAGA TAGAAGATAT GCTTTAGCGT ATACACCTGA AAAATTTTAT GATAGAAAGC	2460
	AAATTACAGT AAAAAGTTAT CATGAAGTTA TTGCAATCAA TGATGAAAGA CAACTGTAT	2520
	CTGTATTAAA TAGAAAGACA AACGAACAAT TTGAAGAATC TTACGATAAA CTCATTTTAA	2580
25	GCCCTGGTGC AAGTGCAAAT AGCCTTGGCT TTGAAAGTGA TATTACATTT ACACCTAGAA	2640
	ATTTAGAAGA CACTGATGCT ATCGATCAAT TCATCAAAGC AAATCAAGTT GATAAAGTAT	2700
30	TGGTTGTAGG TGCAGGTTAT GTTTCATTAG AAGTTCTTGA AAATCTTTAT GAACGTGGTT	2760
	TACACCCTAC TTTAATTCAT CGATCTGATA AGATAAATAA ATTAATGGAT GCCGACATGA	2820
	ATCAACCTAT ACTTGATGAA TTAGATAAGC GGGAGATTCC ATACCGTTTA AATGAGGAAA	2880
35	TTAATGCTAT CAATGGAAAT GAAATTACAT TTAAATCAGG AAAAGTTGAA CATTACGATA	2940
	TGATTATTGA AGGTGTCGGT ACTCACCCCA ATTCAAAATT TATCGAAAGT TCAAATATCA	3000
	AACTTGATCG AAAAGGTTTC ATACCGGTAA ACGATAAATT TGAAACAAAT GTTCCAAACA	3060
40	TTTATGCAAT AGGCGATATT GCAACATCAC ATTATCGACA TGTCGATCTA CCGGCTAGTG	3120
	TTCTTTTAGC TTGGGGCGCT CACCGTGCAG CAAGTATTGT TGCCGAACAA ATTGCTGGAA	3180
	ATGACACTAT TGAATTCAAA GGCTTCTTAG GCAACAATAT TGTGAAGTTC TTTGATTATA	3240
45	CATTTGCGAG TGTCGGCGTT AAACCAAACG AACTAAAGCA ATTTGACTAT AAAATGGTAG	3300
	AAGTCACTCA AGGTGCACAC GCGAATTATT ACCCAGGAAA TTCCCCTTTA CACTTAAGAG	3360
	TATATTATGA CACTTCAAAC CGTCAGATTT TAAGAGCAGC TGCAGTAGGA AAAGAAGGTG	3420
50	CAGATAAACG TATTGATGTA CTATCGATGG CAATGATGAA CCAGCTAACT GTAGATGAGT	3480
	TAAGTGAAGT TGAAGTGGCT TATGCACCAC CATATAGCCA CCCTAAAGAT TTAATCAATA	3540
55		

	GTTAGAATTA TGTGGACTG GTACTACTAT CCAGTCCATT TTTTATGTTT AACATTTTTTA	3660
	GAATCAAAAA AGACATAAGG TCTTGGACTA ATAATTGTCC ATGCCTTATG TCATATACTA	3720
5	TATGTCTTAT CAATTAGCCA ATACCGAATA ATTTTGATAT AGGSCCTAAC GGTAGAATGA	3780
	CACCTAATAC CATTGTGATG ATAATTAATG CAATTGTTAT CCAAAACATT GTGTGACTTT	3840
10	GTTTCATGCT CTTTCITTTA GCAATCGACA CTTCCATCAA TCCAACACT GCAACACCAC	3900
	ACAGCATTTT CAATGTAAGC AACATATGAT TTGCCCCGCC ATTCATAAAT GACTGAATTA	3960
	ATATCCAAAA TCCTGAAATT AACGTCAACA GCATAAATA GCGTAAAATC ATGTGCAACG	4020
15	GTTTGAAAAA TGGTGATCTG CCTTGATTTT TTGAAATGTT TAAGTATGTA GCGATAAATA	4080
	AAATAATCGC TAATACCCAA CTTAATATAT GTAAATGTAA CATACTGATT CCCCCACTT	4140
	TAATTATTTA TATTATTAAA TTAAAGCTTC TTGGGATTAA TACCCACTTG CTTGTAATTT	4200
20	AATCATGATT TGATTATACA CGAATATATA TTCTACCACA CTTCTATATT TGAGAGGAAG	4260
	AACATGACAT TTTATTCCTT ATTAGAATAT TGTGAATCTG CTGTAAAATA ATCAACTACT	4320
	TCTTAATATC AATATTTTAC TTTTCATCTCA AAATGGTAAC ATTATAAATA ATTTATCTTT	4380
25	AACACCTTTT TAGAAAAACA AGAAAAAACT AACCAATCTA TATAAAGACT GGTTAGCTTT	4440
	TTAAATGATA ATTATTTAGC GATATAAGTT GTCAGCGTTC CAATATTATC AATAGTCACT	4500
	TTAACTTCAT CACCTGGTTG TAAAAATTTA GGTGGTTGCA TACCTGCACC AACGCCTGCT	4560
30	GGTGTACCAG TTGCAATAAT ATCTCCCGGA TGTAGTGCAA CATATTTTGA AATTTCTTCT	4620
	ATTAATTCAT CAATTTTAAG AATCATTTTCG CCAGTGTTAC CATCTGTCT AATTTCAATG	4680
35	TTAACTTTTG TAACAATATT TACATTTTCA GGTAAATGGTA GTTCGTCTTT AGTAACGATA	4740
	TAAGGACCCA TTGGGCAACC GCCAGTTAAA CTTTTTGATA AAAATGCTTG ATCTTGTTCA	4800
	CTTTGTGCTT TGCATCAGT GATATCGTTA ATAATTGTAT AGCCGTAAAC ATAATCTAAA	4860
40	GCTAATGCTT TTGGAATCTT TTCACCAGAC TTACCAATAA CAATACCTAA TTCACCTTCA	4920
	TAATCTAATT GATCAGTAAT ATCTTTATGA TTGGAATTG TTGCATTATC TCCTGTAAAA	4980
	GATGACGCTG CTTTGTGAAA TACATATAAT TTTTCCACTT CATGATTTAA TTCGTTCGCA	5040
45	TGATCTTTGT AATTTCTACC AAAAGCAATC ACATTATTCG GAGGTGTTAC TGGTGGTAAA	5100
	AATTCAATGT CATTAAATGA AATTTTATAG TCTTCAGCTT TGCCGCTATC TTCTGCTGCT	5160
	ACAACTGCTT TACGTACTTG TTCTTGAAAA TCTAAAGTAT GATTTTGTTG TAAACCAGCT	5220
50	AACAATGTTT TAGGATGGAA ATCTCCTTCT GCAAAGTCAG CAAATACTTG TGTTAAATCC	5280
	CATACAGCAT CTCGCGTTT TACTTTAACG CCATATGAAG TTTTGTCAAT ATACTTGAAT	5340
55		

TTCGTTATCA AATAACAAAT AAATAAGTAA GACAATTTTG AAAATGAGTT GTGTTTCATTC 5460
 TGCTACAAGG ACTTTGCACT TAATCGAAAT TATTTTTTAT TCTTTTGAAA ATCAAAATAC 5520
 5 TATAGTTGCA ATGTACCAA TTTGAAGAAG TATAAATAAC CTTTAACTTC TTTATTAAGA 5580
 ATCGTTTGAA GCGTATTTTG ATAATATTTT ATCTGTATCT TATATTTATT TTTAATTGT 5640
 GTACCAATTT CTTCATCTGT CATCCCACGG CGACGATTAA ATGCATCGGT TTTATAGTCT 5700
 10 ACAAAATAAT GCACACCATC TTTAACAAAG ATTAAGTCAA TCATACCTTG AATAATTGAG 5760
 ACG 5763

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 506:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 422 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - 20 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 506:

25 CCATATGATT TTGTGCAATA ACTCTTTTTTC TTTCTTCTTT TCGTAAAAAG TTGTACATCG 60
 CTTTGTGTT TAAGAGACTA TTGTTTTCTT TAGGTTTTTG AACTTCACTC AGTGTATTTT 120
 TAGTTGTTAA CACTFAAAATT CCAACTGTTG TATCTTTGTA TCTAGCCATA ACTTTATTCA 180
 30 GATGTTTGTC ATTTGTAATA ACTACGACAT AATTAAACAC TTCATAATAA TCATTAATTT 240
 GATTATCTAA TCTATCCAGC TTATCTAATT CTGTTTTAAT CTCATAGACA ACGCCTTTGC 300
 CGTTTAACAA TATAAAATCA GCaATACTTT TCCCTATGGG CATCTCAGAA AGTGCAGTAG 360
 35 TTGTATTAAT AGAATGTCGT CCTAGAAGGA GTkTATTAAG TATnGTGTTT TTGTAAAAAT 420
 AT 422

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 507:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1188 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - 45 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 507:

50 GCTTATGTAT TCTCAAAATA TTTATGTGAT ACGCAAAGGA GACATGGTTA TTCGACCAGC 60
 ATTTGATGAT GACGATCAAA GAAACGGTAG TGAAATAATT CGGTTTGACA AAACGCGTAT 120

TTATCTTGGC AAGAAAGCAG AGACAAACCG CATTACTGGC ATTTCTAGTA AACCACCTAT 240
 TTTACTAACA CCATTATTTT CAACTTATTT TTTCCCAACA CATTCTGACA GACAAAATGA 300
 5 AAATATTTGG TTAATATGTC ATTATATCGA AAGTATTAAA GAATTAAAAA ATCGTAAATG 360
 TAAAGTGACA TTTATTAATA ATGAATCAAT CATTCTTCAT GTTTCATACC ACAGTTTATG 420
 GCATCAATAT AACAAATTCa TTTTTTACTA TTACATGGTA GATAAACAAT CTCGCATGAT 480
 10 ATCAAAAAAT CCGACCAAC CAATAGATTA TAATAAGCC ACATTGAATG TGTTTGAAGC 540
 ATTGACACGC TATTCTTTAT TTGAAGATAA ATAAATTGTT TATTTTTTAA ATATGCGGAA 600
 15 TGTTTTATAA ATATAGTGTA AATGTTCTGC ATATTTTTTT AAGGTATCTA TTGCAAATTA 660
 ACTTAATCTT GTTATAATAA TATTTGTGCT TGaTATTCAA ACACATACAA ATTAATCCAC 720
 AGTAGCTCAG TGGTAGAGCT ATCGGCTGTT AACCGATCGG TCGTAGGTTT GAGTCCTACC 780
 20 TGTGGAGCCA TTGGAACGT ACTCAAGTTG GCTGAAGAGG CGCCCCTGCT AAGGtGTAGG 840
 TCGCGAAAgG CGCGAGGGTT CGAATCCCTC CGTTTCCGTT ACTTGCTAAA ATGGTATATA 900
 CCATTTTAnC TTTTTTGTTT ACTTATATAT AATGAATGAG AATTTCACTG TTCTTTTATA 960
 25 TCAATTTTAA AATTCTAAAA ACCTTTCCTA GATAATCTTC TCTAAGAAAG GTTTTTTATAC 1020
 TTGTTGAAC TATAATTAAT TTATTACATA GCAATATTTA CCTGTTTTTA ACTATAAAAT 1080
 TATCACTACA TGAAATACGA TAATTCGGaT CTCTTAACCT CTCTGCaATT AATGtACTCA 1140
 30 TTGgTTTCAT CGTATGATTC ATGTATAATA GCATTTkTTA AATAATTC 1188

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 508:

35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 840 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

40

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 508:

CCCAACTTCG GTTATAAGAT CCCTCAAAGA TGATGAGGTT AATAGGTTTC AGGTGGAAGC 60
 45 ATGGTGACAT GTGGAGCTGA CGAATACTAA TCGATCGAAG ACTTAATCAA AATAAATGTT 120
 TTGCGAACAA AAtCACTTTT ACTTACTATC TAGTTTTGAA TGTATAAATT ACATTCATAT 180
 GTCTGGTGAC TATAGCAAGG AGGTACACACC TGTTCCCATG CCGAACACAG AAGTTAAGCT 240
 50 CCTTAGCGTC GATGGTAGTC GAACTTACGT TCCGCTAGAG TAGAACGTTG CCAGGCATAA 300
 TATTAATCCA CAGTAGCTCA GTGGTAGAGC TATCGGCTGT TAACCGATCG GTCGTAGGTT 360

55

GGCGGTAACA CGGGTTCGAG TCCCGTAGgA GTCATACAAG CAGAAGTGAA ATATCGCTTC 480
 TGTTTTTTTA TTACATATTT ATTGTTGAGG AAGGTTGTCC GAGCTGGCCG AAGaGCACGC 540
 5 CTGGaAAGTG TGTAGGCGTC ACAAGCGTCT CAAGGGTTCG AATCCCTTAC CTTCCGTAAA 600
 GGcGCTTAAA TTGGTTTTAC CCATTTTAAG CGCTATTTTT ATTTTGGACT CAATCCCTTG 660
 ATATATCTGC ATTTGAGCTA TTATCCTCAT TTTTACACTT CTTATTTATT TATATCCATT 720
 10 TAAAATTTTT TAGCCACAAT GTGACTAATT TTTGaTGAAT AATCCTAATT TTAGtCACAA 780
 GATTTTGAAG TTTAGTCACA AAACAAATCA TTCAGATTTT TTTCyATAAA TTTAGTTTCA 840

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 509:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1373 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 509:

25 TTCTATGAAA CTATCAGCTG TTTCTTTTTT CTTGGTAAAA ATCGTTTTAA CGCCATGATA 60
 CATGTATTCT CTTTCAaCAC CCGATTGGTC ATAAGCATCG AAAACACAAA TAATTTTCATC 120
 TGAAATAACT GCATTATAAT TTGCAATTGC ATCTATTAAT TGCATTCTAG CTTCTTCTAA 180
 30 ATTCTCTTTT GCAATGGCGC TTAGCGTTGG TGATTGTCCT ATCATATTGT ATCCATCAAT 240
 GATTAAGTAA CGTTCTTTCA TTATATTCT CCAACATCAT GTCTTTTTTCG AAATACTTCG 300
 TACATCATT AACTTGCTGC AACCgaAGCA TTCAAAGTGT TTACATGTCC AACCATTGGA 360
 35 ATCTTAATAT AAAAATCGCA TTTATCACTT ACTAGGCGAC TCATACCCTG TCCTTCGCTA 420
 CCAATTACAA TAGCCAATGA CATGTCCGCT TCTAGATTTC TATAATCTGT TGCATTATTA 480
 40 GCTTCAGTGC CAGCTACCCA AAAGCCATTA TCTTTTAGTT CATCGATAGT TTTAGCTAAA 540
 TTTGTCACCTC GAATAACTGG TACATGTTCA ATTGCACCTG TTGAGGCTTT TGCAACTGTT 600
 TCGGTTAGTG TAACTGAACG ACGTTTAGGA ATAATAACAC CATCAACTCC CGTTGCATCG 660
 45 GCTGTTCTTA AAATTGATCC CAAGTTATGT GGGTCTTCTA AGCCGTCTAA TATAAGTACT 720
 GTCAATAAAC CTTCTTTTTT TTTTGCTGT TTTAAAAATT GATCGAAGTC AGCATATTCA 780
 TATGGTGCAA TAAGCGCTGC AACACCCTGA TGTGGTGCAT TTGCTAAAAA ATCTAATTTA 840
 50 GATTTTGGTA CAGTTTGAAC AATGATTTTT TGATCTTTTG CATTTTTTAA AATTTTATTA 900
 ATTTGTTGCT TTtTAATACC TTCTTGAATC AATATCTTAT TTAYCGGATG CCCAGTAATA 960

TTCGTTTACT ATTGTTATTA TTTTATTTAA TAATGCCTCT AATCGTTCTT CTCTTTTTTC 1080
 TAAATAaAGA AAACCTATCA CTGCTTCTAT CkCTGAACTT TTACGATATG TTTGAACATC 1140
 5 AGTGTTTTTA GCTTTAGTAT GACTTTTCGC GTTACGCCCT CGCTTCAAAA TATCCATTTTC 1200
 TTCGTCTGTA AACCATTCTT GCTCCATTAA ATATTCTAAC GTTTGCGCCT GACTTTTGGC 1260
 AGATACATAT TTTTtagACA TTTGATGTAG TTTATTAGGC TTACTTTTAA GCTTTAAaAC 1320
 10 GATATAGGTA CGTACATATT GATCTAaGAC TGCCTChCCC ATATATGCTA AGG 1373

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 510:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 717 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 510:

TCAAGTGCCA ACTACACAAC TGATTTACAT TCTTTAGGTC AATATGTACA AGAAGGCCGT 60
 25 CGCTTCTTAT TCGAAACAGT TGTAaAGTA AATCATCCTA AATATGATAT TACTATTGAA 120
 AAAGATAGTG ATGATCTAGA CGGATTAAAT TATTTAGCTG GTAAaACAAT CGACGAaGTT 180
 AACACAAaAG CATTCTGAAGG TACATTATTA GCGCATACTG ATGGTGGTGT TCCTAACATG 240
 30 GTAGTGAACA TTCCACAATT AGATGAAGAA ACTTTCGGTT ACGTCGTATA CTTCCTCGAA 300
 CTTGCTTG TG CAATGAGTGG ATACCAATTA GCGGTAAATC CATTTAACCA ACCTGGTGTA 360
 GAAGCATATA AACAAaACAT GTTCGCATTA tTAGGTAAAC CTGGTTTTGA AGaCTTGAAA 420
 35 AAAGrATTAG rAGAACGTTT ATAAaATACA TTACTTCAAa GATTAGTGAA GTTTGAAaAG 480
 ATAGAACTAG ACGTTAACTA TTTAAAGCAT ATTTTCGAGG TTGTCATTAC AAATGTAAAA 540
 ATGTAATGAC AACCTCGTTT TTATTTATAT GCAAGAACTA GGTTACTAGC TAaTG TGACA 600
 40 AGATGTTAAG AGAAaATTAA aGATAAAATA ATATCTGCCT TACAATAATA TTGTTATACT 660
 ACTAGnGACT GATTTATTAG CATGATTACA TGTTAATGTT TCTTTACTTA GTAATTA 717

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 511:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2700 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 50 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

	AATCTAATTT TTCCTCCTAA TCTCGGATTG GATAGTGGTC AATTTTTCTG GCCCGCCATT	60
	TTAGCGTTTG TTCTAACTGG GATTGGTTTA CCATTATTAG GTGTGATTGT AGGTGCACTT	120
5	GATAAAGAAG GATATATTGG CGCATTAAAT AAAATTTTAC CTAAATTTTC AATATTGTTC	180
	TTAATCATCA TTTATTTGAC TATAGGACCA CTTTTTGCAA TACCTAGAAC TGCATCTACA	240
10	TCTTTTGAAA TGACAATTAC ACCAATTATA CATAGCAATA GTAGTATCGC TTTATTTATA	300
	TTTACGATTA TCTACTTCAT AGTCGTTTTG TATATTTGTT TAAATCCATC TAAGTTAATC	360
	GATCGTATTG GTTCATTATT AACACCATTA TTATTGATTA CTATTTTAGC GATGATTATT	420
15	AAAGGATACT TAGACTTTAG CGGTAATAGT GCTGGAAAGG GCAATGAAGC ACTATATCAT	480
	TCTAATTTTT CAAGTTTTGC TGAAGGCTTT ACACAAGGCT ATTTAACAAT GGATGCCATT	540
	GCAGCAATTG CTTTTTCAAT GATTGTTGTT AATGCAGTAA AACTAACAGG CATTACTAAA	600
20	ACAAATCAAA TATTCAAACA AACTTTGACT GCTGGTTTAA TTGCAGCCGT AGCTTTAATT	660
	TTCATATATA TTTCAATTAG TTATATTGGT AATCATATGC CAGTAAGTGA CATGACGTTA	720
	GATCAATTGA AATCCAAAGA TCGAAACATT GGGACATATT TATTAACGAC AATGGCTTCA	780
25	ACAGGATTTG GTTCATTCGG AAAATATTTA TTGGGCATCA TTGTGGCGCT GGCATGTCTA	840
	ACTACAGCAT GCGGGCTTAT TGTGTCAGTT TCTGAATATT TCCATAGAAT CGTACCTAAA	900
30	GTATCATACA AAGCATTTGT ATTAGTTTTC ATTTTAATGA GTTTTATTAT TGCTAACCBA	960
	GGTTTAAATG CTGTTATCTC AATGTCAATT CCGGTATTAA GCATTGTATA CCCAGTAGCA	1020
	ATAACTGTTG TATTATTAAT TTTAATTGCC AAATTCATAC CGACAAAACG CATTTCACAA	1080
35	CAAATTCAG TTATTATCGT ATTTATATTG TCGATTTTCA GTGTTATTAG TAAGTTAGGT	1140
	TGGcTGAAAA TTAACTTTAT AGAATCATTG CCTCTAAGAG CGTATTCTTT AGAGTGGkTC	1200
	CCAGTAGCAA TTATTGCAAC GATATTAGGC TATCTAGTCG GCATATTTGT AAAACAAGAT	1260
40	CCAATTAAAT ATCAACAGGA ATAACGAATA ATATAAAAGA GGTGGGACA TAAATCCCTA	1320
	AAAAAACAGC AGTAAGATAA TTTTCAATTA GAAAATATCT TACTGCTGTT CTCTATTTAT	1380
	ACAATACTTC GTATTGAATG GCTTCGCTTT CCTAGGGTGC CGTCTCAGCC TCGGTCTTCG	1440
45	ACTGGCACTG CTCCCCTCAGG AGTCTCGCCA TTAATACTAC GTATTAACGT GTAATTTTAC	1500
	TTTGAAATAC TTTAAAAAAA TAAGACACTT TGCCCCACTT GCACATAAAT GTAAAATTCA	1560
	ATAAAATAAA TTTTCTGTGT TGGATCCCTT CGTATAATTT AATAAATACT ACTAAACTAA	1620
50	ATTAACGAGG TGCCTTATGT ATAAAAATTA TAACATGACC CAACTTACAC TACCAATAGA	1680
	AACTTCTGTT AGAATTCCTC AAAATGATAA TACGCGATAT GTTAATGAAA TTGTTGAAAC	1740

55

	AAGATATGCA TACCGTAATG ATAGATATAG TTTTAAACGT GACTTCAAGC TATATGAATG	1860	
	TGATGACTGT TCATCATGTT CTTTGAGACA TCAATGCATG AAGCCAAATT CGAAATCCAA	1920	
5	TAAGAAAATT ATGAAGAATT ATAATTGGGA ATACTTTAAA GyCCAAATTA ATCAAAAGCT	1980	
	TTCTGAACCA GAAACGAAAA AAATCTATAG TCAPAGAAAA ATTCTCTAG AGCTTCTTTT	2040	
	TGGATTTATG AAGGCTATTT TGGGTTTCAC TCGAATGTCA GTTCGAGGAA TAAATAAAGT	2100	10
	TAAACGAGAG CTAGGTTTTG TATTAATGGC ACTTAATATA AGGAAAATAG CAGCTCAACG	2160	
	AGCTGTACAT TATAAAATAC ATATCAAAAA AGCTGATTTT TATCAAATAA TTAATAGAAA	2220	
	TCAGCTTTTT TACATTGCCT AAGAATTTAA TGTCCCAAGC CCTTTTTATC GAATAACTTA	2280	15
	TTGTAAACCT TGTCTTTCTT GGTATTGTT TTCGTTATTT TTTTCGTGTT TTTGTTTCCA	2340	
	CTCTTTTTGA GTCATTACAT CGTCAACTTG CATGTAACT TCAACTACAT CTAAACCAGT	2400	
	AATATATTTA ACTTGTTCTT TAACTAATTC AGTTACTTTA CGGAAGATTT TTGGTGCTGA	2460	20
	TTCAACCATAT TCTAAGATTA CTTTAAAGTC TACAGCAGCT TGTTTTTTAC CAACTTCAAC	2520	
	AGATACACCT TGAGTAACAT TGTGGCCACT TGAGAATGCA TTAGTGAATG TATCAGTTAA	2580	
	GCCACCTTTC ATATCTAAGA TACCTTTAAC TTCACGTGCA GCGATACCAG CAATTTTTTC	2640	25
	AACAACCTCA TCAGAGAATG TTAATTTGnt TTTGAATTGA GGCTCCTGAT TThGTTChTG	2700	
	(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 512:		30
	(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:		
	(A) LENGTH: 1135 base pairs		
	(B) TYPE: nucleic acid		
	(C) STRANDEDNESS: double		
	(D) TOPOLOGY: linear		35
	(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 512:		
	ATCAAATACA ATAATTAAAA TAaTGGCTAA TACaCCTAaa ATaATAATcG AGTTaGAGTA	60	40
	GCCTAAGCGA yCACCcTAAC aGTArACATT CTAGGCATAT ATTTaTCTTT AGACATTGAA	120	
	GCCGCTAACA TCGGAAAAGC TGTAATCCA GTGTTGGCTG CTAATACCAa AATCATCACG	180	
	GTCGTTGCCT GTACAAAATA GAAGGCAGCA TTATCACCAa ATATTTGCAT AGCTAATTGT	240	45
	GATAAACTG TCGTTTCCGT TTGTGGcAAA ATTCCATAaa CATATGCTAA ACCAACGATA	300	
	CCAACTAATA AAAACGCTAA AATTGAACCC ATAGCAATTA ACGTTTTTAC AGCATTTTTA	360	50
	GCACTTGGCT CTCTAAAATT GGTtACCGCA TTTGAAATAG CTTCAACACC CGTTAACGAT	420	
	GAAGCCCCTG ATGAAAATGC TTTTAATaSc AAGAATAATG TTAGTCCAGG AACCGCAGTT	480	
			55

AATATTAATA TCACTAACCC TATAATGAAA AGATATACTG GATAGGATAA TACGGTGGCA 600
 GATTTCAGTTA AACCACGTAA ATTTAATATT AAAATAAAAA GTACAAGTAW ACATGCAATC 660
 5 AGT_rCKTTAT GCCCATATAA ACTTGGGAAT GCAGCAACAA ATGCATCAGC ACCAGATGAT 720
 AT_mCTAACAG CGACAGTCAG TATGTAATCG ACTAATAATG AGCCTCCTGC AAGCAATCCC 780
 CATT_{TTTT}CTC CTAAATTGGT CTTGGACACC ATATACGCGC CGCCACCTTT AGGATATGCA 840
 10 TAAATAATTT GCCTATAAGA CATAATTAAA GCAGCTAATA AGATCAGAAC AGCACCTGCA 900
 ATCGGTAAAG TATACCAAGT TGCAACTGCA CCCACTACTG ATAGTGTAAAT CAGTATTTGT 960
 TCGGGACCGT AAGCCACTGA AGATAATGCA TCCGACGAAA GAATCGCTAA CCCTTTAAAC 1020
 15 TTCGATATCT TTTCTCTTT TAGTTCTCTG TTTTTTTTAG GTTGCCCTAT AATAAG_tCTT 1080
 TTAAATTGAT kGAcATA_tC TCCTATTCCT TTTTATAGTT T_mGATGGAA ATCAC 1135

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 513:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 918 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 25 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 513:

30 TTATGGTAAA ACTTTAACAC AAGCATTACA TAAATCGCAA TCATTTATGT GGCAAAAACG 60
 TTGAATTTAA GCCATTTCTA TTCATTTTAC GTAATTATTA GCCGTATATG TGTAATAATA 120
 35 CACATTTTAT TCAGATTTTT TATCGCGCTC CATTAAATCT TTTACGCATT CTTTTACTGA 180
 GATATTTTCA AATAATACTC TATATAATGC ATTTGTAATT GGCATATCCA CATTTTTTTC 240
 TTTAGCTAAA TGATAAACTG ATTTAGTTGT ATAAATACCT TCAACAACCA TATTCATTTTC 300
 40 AGATAATGCT TGATCCATTG ATTCACCTTG TCCAAGTTTA TATCCTAATG TGAAATTCGG 360
 AGAATGTGTT GATGTGCAAG TAACGATTAA GTCACCGATA CCACCTAAAC CTAGAAATGT 420
 CATAGGATCG GCACCTAACT TTTACCTAA TCTACTAATT TCCGCTAAGC CACGAGTCAT 480
 45 TAATGCAGCT TTTGCATTAT CACCGTAGCC AATTCCAGCT ACGATACCAC TTGCTACTGC 540
 GATGATATTT TTCAATGCAC CACCAAGTTC AACACCAATC AAGTCATCAT TCGTGTACAC 600
 ACGCAAATAA TCATTCATAA ATAAATCTTG CGTTAATTTA CTTACACTTT TATCTTTTGA 660
 50 TGAAGCAGCA ACTGTAGTTG GTTGCTTGAC TACAACCTCT TCCGCATGAC TTGGCCCTGA 720
 CAACACGCCA ATACCTGCAT TATATTCAGG TGAAATAGAA TCTTCAATCA TTTCTGACAC 780

CAGCTTATCA TTAATTTGAG AAGCAACTTC TCGCATTGCT TTAGTAGGTA AAGCCATTAA 900
GTAAATATCT GCAAATTG 918

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 514:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 587 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 514:

CAATACTCGG TATTATAGAT AGTCCTACTA CATTTATATG GGTGTGTATC ATTACATTAA 60
TTGCACATCA ACTTGAAGGT AATATCATT A CACCAAATGT AATGGGTAAA TCTTTAAGTA 120
TCCATCCTTT AACAAATTATC GTTGTATTAT TAGCAGCAGG AGATTTAGGT GGCTTTACAT 180
TAGTTCTGAT TGCAGTGCCA TTATATGCTG TACTTAAAC GGTGTGTAGT AATATTTTCA 240
AATACCGCCA ACGCATTATT GATAAAGCAA ACAGTAATGT TAAGGACTAA TTCTGTGGAT 300
GTCTTTTAAG AATATAAGAT ACTATCGCAT CAAAAGTTGA AACTACAGCT TTTGAGGCCA 360
TTTTTTTGTG CATAAAAAAT CAGTCMAATG AAATATCAAA TAATTTTCCA TCAGTCCGAT 420
TATTATAAAA GCAAAAAAGC TTTGCTCACA TATATAATAA CGTGAACAAA GCTGTTGAAT 480
GATATTATTT AATTGCGTGG AATCCGCTAT CTACATGAAT ATTTTCACCT GTAACGCCAC 540
TTGATAAATC ACTTAATAAG TAAGCCGCAG TTTTACCTAC TTCTACT 587

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 515:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 812 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 515:

GGTTCATTCC AAAAAAGTAC GCGATAATTA GCGAAGAAGA ATTTGAAAAT TTAAATGTTG 60
TTAAACCAAA TAAAAATAAT GTTTTCTGGT CAGTTATAGG AAGTTCGGTT TTGTTTGGAG 120
TTACTTTAAG GAAATACATA CATGTTTTTG ATGTTCAATT AGATAAGCTA GTTGTAATGA 180
TATTGTGTGC TCTCGCTTTA ATTTGTGTTA TAGTTTTTTA TTTTAACTTA AATAGAAAGC 240
TTAAGTTAAA AGTGTGTTGAT ACAAATATTG AAAAAATAA GAGAGTTATA TAAAwACCAA 300

TTTCATTAAT TGCCCTTATG ACAATCGAAC CTCAAAATAT AATAATATTT ATTTATTGGA 420
 TTATGATGAC AATGCTTTTC TTTTGTGTTAA ATATGACTTC GATAGGTAAT GAAAAAGTTC 480
 5 GCGTTATAAT GAAAAATAAT TGATTACATT TAAAATATTC TAAATGTTGT CGACACAATC 540
 CTTTTAAGAC GCTAGTAGAA TTAAATGAC TTCTAATGTA TATGAAAGTG TATCAATATA 600
 AAACCAATTG AAAAGAAGTG GAGACATTGC TTTGTGAAAC TGAAAATATT AATAAGAATC 660
 10 CCAAATATAG AATTATCAAA TACAAAGATG AATATTTGAT GATTGATTTA GTAAGTACAT 720
 GGTTAGCACT CTTTTTCCCA ATGATTAAAT GGCTGATTCC AAAAAAGTAC GTCAAAATCA 780
 15 GCGAAAAAGA TTTTGAAACT TTAAACATTG TG 812

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 516:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 526 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 516:

GTTCTATTAT TTCTTCCAAT GGTAATGGAT TTTCGTAAAA TGATTGATAT AAGTTGATAA 60
 TCTCAATAAC TTTTAATTGA TCTGGAAACA TCGTTTTTTG GAACATTATA CTGCGATTTT 120
 30 CACTTTGTAA TAACCTGTCT TTATCAAATA TCTCACCAGA ATTAGCATTACATTACCAA 180
 TTAATATATC AATTAACGTT GACTTTCCAG CACCATTTTT TCCAATTAAA GCGATACATT 240
 35 TACCTTGTTT AATATCGAAC GAAATATTTT TTAGAACACA TCTTTTATTA AATGACTTGT 300
 TGATATTAGA TATTTGAATC AATTTAATCA CCTCTATTTT TTTCTTAATT TAATATTAGT 360
 AAATTTATTA GATTTAAAT AGAACACTTT GTCATAGATT TGAAATGACA AATGTCATTA 420
 40 TTAGATktAC ATAATATATT TATCGTtATT TTAATTTTGG GCAAAATAAA AAGAGCCTCT 480
 ATAATCGrGc TCCTTACAAA TaaATTATAA AAttGGCGAA cTAAAT 526

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 517:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4544 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 517:

	GGAACACCTA AAGAAAGAAA TGATGCATTA AACACAGAGG CTGATATCTA TGTAACCAAT	120
	AAAGAAAATA CTAAATGGTT ATGCGATCAA TATAAAAAAG AATGGCCATT TGATATGGTT	180
5	GTAATTGATG AACTGTCTAC ATTTAAAAGT CCTAAGAGTC AAAGGTTTAA ATCTATTAAA	240
	AAGAAATTAC CACTCATTAA TAGATTTATA GGATTAACAG GAACACCTAG CCCAAATAGT	300
10	TTACAGGATT TATGGGCTCA AGTTTATTTG ATAGACAGAG GCGAAAGACT TGAGTCTTCA	360
	TTCAGTCGTT ATCGAGAAAAG GTACTTTAAA CCAACACATC AAGTTAGCGA ACATGTTTTT	420
	AACTGGGAGC TAAGAGACGG ATCTGAAGAA AAGATATATG AACGAATAGA AGATATATGT	480
15	TTAAGCATGA AAGCGAAAGA TTATCTAGAT ATGCCTGACA GAGTTGATAC TAAACAAACA	540
	GTAGTCTTAT CTGAAAAAGA AAGAAAAGTA TATGCAGAAT TAGAAAAAAA CTATATTTTA	600
	GAATCGGAAG AAGAAGGAAC AGTTGTAGCT CAGAATGGGG CATCATTAAG TCAAAAACTA	660
20	CTTCAACTAT CTAACGGTGC AGTTTATACA GATGATGAAG ATGTAAGACT TATACATGAT	720
	AAGAAGTTAG ATAAGTTAGA GGAAATTATA GAGGAGTCTC AAGGCCAACC AATATTATTG	780
	TTTTATAACT TCaAACATGA TAAAGAAAGA ATACTTCaAA GGTTTAAGGa AGCAACCACA	840
25	TTaGAGGATT CAAACTATAA AGAACGTTGG AATAGTGGAG ACATTAAGCT GCTTATAGCA	900
	CATCCAGCAA GTGCAGGGCA TGGATTAAAC TTACAACAAG GTGGGCACAT TATTGTTTGG	960
30	TTTGGACTION CATGGTCATT GGAATTATAC CAACAAGCAA ATGCAAGATT ATATAGACAA	1020
	GGACAAAATC ATACGACTAT TATTCATCAC ATTATGACCG ATAACACAAT AGATCAAAGA	1080
	GTATATAAAG CTTTACAAAA TAAAGAACTA ACGCAAGAAG AATTGATGAA AGCTATTAAA	1140
35	GCAAGAATAG CTAAGCATAA GTAATGGAGG TATAAGATGG GAAAGGCATC ATACGATATT	1200
	AAGCCAGGTA CATTTAAATA TATTGAGTCA GAGATATATA ACCTACAAGA GAACAAGAAA	1260
	GAGATAAATA GATTGAGAAT GGAGATACTT AACCCAACGA AAGAGCTAGA CACTAACATT	1320
40	GTGTATGGAC CGTTGCAAAA AGGTGAACCA GTTAGAACAA CTGAACTAAT GGCAACAAGG	1380
	TTATTGACTA ATAAGATGTT ACGAAACCTA GAAGAAATGG TCGAAGCAGT TGAAAGTGAA	1440
	TACTTAAAGT TACCTGAAGA TCATAAGAAA GTAATTAGGC TAAAGTATTG GAATAGAGAT	1500
45	AAGAAGCTAA AGATAGAGCA AATAGGAGAT GCATGTCACA TGCATCGTAA TACAGTTACT	1560
	ACTATACGAA AGAACTTTGT TAAAGCGGTA cGwtATCATG CAGGTATCAA ATAACATTGT	1620
50	GCAAAGATTG TGCAAAAGGC CTACAAATCT GTAGTAATAT GATAGTATCG GAAAGATGTA	1680
	TAAAGTTATC TAAAAGTTAT ACGACACAAG TACACGAGGC ACATCGCTAT GCGtGTGTCT	1740
55	TTTGTATATGC AATCAAAGAG GTGTAAGAGA TGACCAAGCA TAATAACATT TATAAGCATG	1800

	AGATAGCATT AGATAGGGAT AATCATCTTT GTCAAATGTG TTTACGTGAA GACATAGTAA	1920
	CAGATGCAAA CATAGTGCAT CATATTATTT ATGTTGATGA AGATTTTAAT AAAGCTTTAG	1980
5	ACTTAGATAA TTTGATGTCA GTTGTGTATA GCTGTCATAA CAAAATTCAT GCAAATGATA	2040
	ATGACAAAAG TAATCTTAAG AAAATTAGAG TATTAAAAAT TTAAATAAAA AAATAATTTA	2100
	TTTTTATAGC CCCCTACCCA TCGGCTTAAA ATGTTTTTTC GACGGGTACC GGCGGGGGCC	2160
10	CTTCGCTTGC AACGCGGATA AACTTTTATG AAAGGGGGTC TTTATATGAA ATTAACAAAA	2220
	AAACAGCTGA AAGAATATAT AGAGGATTAT AAAAAATCTG ATGACATATT AATTAATTTG	2280
	TATATAGAAA CGTATGAATT TTATTGTCGG TTAAGAGATG AACTTAAAAA TAGTGATTTG	2340
15	ATGATAGAGC ATACAAACAA GGCTGGTGCG AGCAATATTG TTAAGAATCC ATTAAGCATA	2400
	GAACTGACAA AAACAGTTCA AACACTAAAT AACTTACTCA AGTCTATGGG TTAACTGCA	2460
20	GCACAAAGAA AaaAGATAGT TCAAGAAGAA GGTGGATTCTG GTGACTATTA AAGTTTTTAA	2520
	TGAACCTTCA CCAAACTAT TAACAACATG GTATGCAGAG CAAGTCACTC AAGGGAAAAT	2580
	AAAAACAAGC AATATGTTA AAAAAAGATG TGAGAGACAC CTTAGATATC TAGAAAATGG	2640
25	AGGTAAATGG GTATTTGATG AAGAATTAGC GCACCGTCTT ATTCGATTCA TAGAAAAGTT	2700
	TTGTAAACCT TCCAAAGGAT CTAAACGTCA ACTTGTATTA CAACCATGGC AACATTTTAT	2760
	TATTGGCAGT TTGTTTGGTT GGGTTCATAA AGAAACAAAA CTGCGCAGGT TTAmAGAAGC	2820
30	TTTGATATTT ATGGGGCGAA AAAATGGTAA AACCACTACT ATATCTGGTG TTGCTAACTA	2880
	TGCTGTTTCT CAAGATGGAG AAAACGGCGC TGAAATCCAT CTTTTAGCAA ACGTAATGAA	2940
35	ACAAGCTAGG ATTCTATTTG ATGAATCTAA GGCGATGATT AAAGCTAGCC CAAAGCTTAG	3000
	AGAAAATTTT AGACCTTTGA GAGATGAAAT TCATTACGAT GCAACTATAT CTAAAATTAT	3060
	GCCACAGGCT TCAGACAGTG ATAAGTTGGA TGGTTTAAAT ACACATATGG GCATTTTTGA	3120
40	TGAAATTCAT GAATTTAAAG ATTATAAATT GATTTCAGTT ATAAAAAACT CAAGAGCGGC	3180
	AAGGTTACAA CCCCTTCTTA TCTACATTAC GACAGCAGGG TACCAACTAG ATGGACCACT	3240
	TGTTAATATG GTAGAAGCGG GAAGAGACAC CTTAGATCGA ATCATCGAAG ATGAAAGAAC	3300
45	TTTTTACTAT TTAGCTTCTC TCGATGATGA CGATGATATA AATGATTCGT CGAATTGGAT	3360
	TAAAGCAAAT CCTAACCTAG GTGTTTCTAT CGATTTAGCT GAAATGAAAG AAGAGTGGGA	3420
	AAAGGCTAAG AGAACACCAG ATGAACGTGG AGATTTTATA ACCAAAAGGT TTAACATCTT	3480
50	TGCTAATAAT GATGAGATGA GTTTTATTGA TTATCCAACA CTTCAAAAAA ATAATGACAT	3540
	TATTTCTTA GATGAGTTGG AAGGTAGACC ATGTACTATA GGTTATGATT TATCAGAAAC	3600

55

AACACATTCT TGGATTCCTA AGCATAAAGT TGAATATTCT AACGAAAAGA TACCCTATAT 3720
 AGAATGGGAA GAAGACGGAT TACTAACAAT ACAAGATAAT CCTTATATAG ACTACCAAGA 3780
 5 TGTTTTAAAT TGGATAATAA AGATGAATGA GCATTATGTT GTCGAAAAAA TCACCTATGA 3840
 TAGGGCGAAT GCTTTTAAAT TAAATCAAGA GTTAAAGAAT TATGGCTTTG AAACAGAAGA 3900
 10 AACwAGACAA GGGGCTTTGA CCTTGAGCCC TGCaTTGAAG GATCTAAAAG AAATGTTTTT 3960
 AGATGGGAAA ATAATATTTA ATAATAATCC TTTAATGAAA TGGTATATCA ATAATGTTCA 4020
 GCTGAAACTA GACAGAAATG GGAActGGCT GCCATCTAAA CAAAGCAGAT ATCGTAAAT 4080
 15 AGATGGTTTT GCAGCATTTT TAAACACATA TACAGATATT ATGAATAAAG TTGTTTCTGA 4140
 CAAGGGTGAA GGAACATAG mATTATTAG TATTArAGAT ATAATGCGTT AAGGAGGTGA 4200
 ATGTTATCGC AAAAGAGAAT ATTGTCACAC GCATAAGAA AAAATTGATA GACAATTGGA 4260
 20 TTGaTCAGTC AGCTTCTAAG CTTTATGACT TTAGCCCATG GAAAAATAAA TCTTTTGGG 4320
 GTGTAATCAA TAATACGCTT GAACTAATG AAACGATATT TTCAGCTATT AChAAGTTAT 4380
 CTAATTCGAT GGCTAGTTTG CCCTGAAAA TGTATGAAGA TTATAAGTA GTTAATACAG 4440
 25 AAGTATCTGA TThACTTACA GTGTCACCGA ATAATTCTCT GAGCAGTTTT GATTTTATTA 4500
 ATCAAATTGA AACAATCAGA AATGAAAAG GTAATGCATA TGTG 4544

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 518:

30 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 881 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 35 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 518:

40 CATGGCAGAA TATTGAAGCT GTAAAAAAG GACATGTAAT TTCATATAAA GCAGAAGATT 60
 ATTGGTTCAC AGATCCTATT ACATTAGAAC ATTTGAGAAG TAAATTAAAA AAAGAAATTT 120
 TAAATAAAAA ATAATAGAAA TAAGTTGTAA AAATTTTCTT ATGCATTGGT ACTAATGTTT 180
 45 TTAAGGAGTG ATTAAATGAA GCAACTGGTT GGAATTCCCG AATCAATGTT AATTCCTTTG 240
 ATAGCTCGAG CAAAAGAGTA CGAAAACGAA AAACCAATAA TAAAAGACGC ACTATCAAAA 300
 AAAATATTTG ATGGTTTAGA TGATATGTAC AAAAATGTTA CATGTGATGA CATGTCTCAA 360
 50 ATTGGAATTA GTATACGTAC TGTGATAATA GATTGTGTTA CTAAGAGGCT TATCAAGGAT 420
 AATAAAGATT TAATCGTGGT CAATATAGGT TGTGGCTTAG ATACAAGGTT TCAAAGATTT 480

55

ACATTTTTTA AAGAAAGTAA TAGTTATAAG ATGATATCTA AATCTATGCT AGATTACAGT 600
 TGGATTGATG ATGTCAAAAA TTATAAATTT TTTAATAGTA AGTCAGATAT ATTGTTTATT 660
 5 ATTGAAGGTG TATTGaTGTA TTTTGATGAG AGTGTAATGA CTCAATTATT GGACACTATT 720
 ATCAAAAAGA TGGGAGATCA TAATTTGACA TTTGCGATTg AATTTTGCTC aAAAAACAATT 780
 GCGAATAATA CmaAGAGACA TCAATCGGTA TCCAAGTTAT CCTCACCACC TGTTTTTAAA 840
 10 TATGGGTACC ATGATTTTAnA AAAATTGGAT GAnATTTACC C 881

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 519:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3122 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 519:

TGAATaAAAA TATATTAATA GATAAACACA AATGTGTCCa AATACCCCTA GAGGTATTTG 60
 25 ACnAGTTCCA TCCAAGTGT TAAATACCC CTACAGGTAT TTTTAGGGAG GTTATTATGA 120
 AACAAACGG AGAAAaGTTT ATCGATGAAT TTAGTAAAGC AGAATTGGAA AACTAGCCA 180
 AGCAAGGGCA ATTAATTGAC GTTAGAACAG AAGAGGAGTA TGCATTAGGA CATATCAATG 240
 30 GTTCATACT TCATCCTGTT GATGAGATTG AGTCATTCAA TAAAGAAAAA AATAAACCT 300
 ATTATGTAAT CTGTAGAAGT GGTAACAGAA GTGCTAATGC TAGTAAATAT TTAGCTAAAC 360
 AAGGTTATAA CGTTATAAAT CTTGATGGTG GTTATAAAGC TTATGAAGAA GAAAACGATA 420
 35 GTTATGATAC ACAAGAAGAA TATAAAAGTA TAGAAATTAA AGCAGATCGT AAACAATTTA 480
 ACTATCGTGG TCTTCAATGT CCAGGGCCAA TTGTAAAAAT TAGTCAAGAA ATGAAGAATA 540
 40 TTGAAGTAGG TGACCAAATT GAAGTCAAAG TCACAGACCC TGGATTCCCT AGTGACATTA 600
 AAAGTTGGGT GAAACAAACA AGGCATACTT TAGTTAAGCT TGATGAAAAT AACAAATGGAA 660
 TTAATGCGAT TATTCAAAAA GAAAAAGCAA AAGATTTAGA TATAAATTAT TCTGCTAAAG 720
 45 GTACTACAAT TGTATTATTT AGTGGAGAAT TAGACAAAGC TGTAGCAGCG TTGATTATTG 780
 CAAATGGTGC TAGAGCTGCT GGAAAAGATG TAACTATCTT CTTTACTTTT TGGGGGCTTA 840
 ATGCATTAAA AAAAGTGCAA ACAGTTAATG TTA AAAAGCA AGGTATTGCA AAAATGTTTG 900
 50 ATTTAATGTT GCCCAAAAAG AATATACGAA TGCCTCTTTC CAAAATGAAT ATGTTTGGTT 960
 TAGGAAATAT GATGATGCGC TACGTAATGA AAAAGAAAAA TGTTGATTCA TTACCAACAC 1020

	TCATGGGTAT TCAGAAAGAA GAACTTAGAG ATGAAGTTGA GTACGGTGGT GTAGGCACTT	1140
	ATATTGGTGC TACTGAAAAT GCGAATCATA ATTTATTTAT CTAATTAAAT CTATTAATAA	1200
5	AAGGAGTTGT TATCATGTTT TTTAAACAGT TTTACGATAA TCATTTATCT CAAGCATCAT	1260
	ATTTAGTGGG TTGTCAACGT ACAGGAGAGG CAATAATAAT AGACCCTGTT CGTGATTTAT	1320
10	CGAAATATAT AGAAGTTGCA GATTCTGAAG GTTTAACAAT TACACAAGCT ACAGAAACAC	1380
	ATATTCATGC TGATTTTGCT TCAGGAATTC GTGATGTGGC TAAACGCTTA AATGCAAATA	1440
	TATATGTGTC TGGCGAAGGT GAAGATGCAT TAGGGTATAA AAATATGCCA TCAAAAACAC	1500
15	AATTTGTTAA ACATGGAGAT ATCATTCAAG TAGGCAATGT TAAATTAGAA GTTCTGCATA	1560
	CTCCAGGACA CACGCCTGAA AGTATTAGCT TTTTACTCAC TGATTTAGGT GGTGGTTCAA	1620
	GTGTTCCGAT GGGATTATTT AGTGGTGA CT TTTATTTTGT TGGTGATATA GGTAGACCTG	1680
20	ATTTACTAGA AAAATCTGTT CAAATAAAGG GTTCTACAGA AATTAGCGCG AAACAAATGT	1740
	ATGAGTCCGT TCAAAATATT AAAAATTTAC CAGACTATGT TCAAATCTGG CCGGGTCATG	1800
	GTGCTGGAAG CCCTGTGGT AAAGCATTAG GTGCCATACC TATATCTACA ATAGGTTATG	1860
25	AGAAAATTAA TAACTGGGCA TTTAATGAAA TTGATGAGAC TAAATTTATT GAATCATTA	1920
	CATCAAATCA ACCAGCACCA CCGCATCATT TTGCACAAAT GAAACAAGTT AATCAGTTTG	1980
30	GTATGAATTT ATATCAATCA TATGATGTTT ATCCTAGTTT AGATAATAAG AGAGTAGCAT	2040
	TTGATCTTCG TAGCAAAGAG GCCTTTCACG GTGGCCACAC AAAAGGAACA ATCAATATAC	2100
	CATACAACAA AAACCTTTATT AATCAAATTG GTTGGTACTT AGATTTTGAA AAAGATATAG	2160
35	ATGTAATTGG AGATAAATCT ACTGTTGAGA AAGCGAAACA CACTTTACAA TTAATTGGGT	2220
	TTGATAAGGT AGCAGGCTAT CGTTTGCCAA AATCAGGCAT TTCAACCCAG TCCGTTTATA	2280
	GCGCTGATAT GACAGGTAAA GAAGAACATG TATTAGACGT ACGTAATGAT GAAGAGTGGA	2340
40	ATAATGGACA CTTAGATCAA GCAGTTAATA TTCCGCATGG TAAATTATTA AATGAAAATA	2400
	TTCCTTTTAA TAAAGAGGAT AAAATATATG TACATTGTCA GTCAGGTGTT AGAAGTTCAA	2460
	TTGCAGTGGG TATATTGGAA AGCAAAGGTT TTGAAAATGT GGTGAATATT AGAGAAGGCT	2520
45	ATCAAGATTT TCCAGAATCA TTAAAATAAT TTAAGGATGT GGAAAAAATG AATAAGCATT	2580
	ATCAAATTGT TATTATTGGT GGCGGTACAG CAGGTGTTAC CGTAGCATCA AGACTATTAA	2640
50	GAAAAATCA AAACCTTAAAA GAGAAAAATAG CAATTATAGA TCCAGCAGAC CATCATTA	2700
	ATCAACCATT ATGGACGTTG GTTGGTGCAG GGGTATCTAG TTTGAAAAGT TCTCGTAAAG	2760
55	ATATGGAAAG TGTTATACCT GAAGGTGCTA ACTGGATAAA ACAGGCTGTT TCAAGTTTTC	2820

	TAGTAGCTCC AGGATTACAG ATTAATTGGT CTTCAATTAA AGGACTAAAA GAAAATATAG	2940
	GTAAAAATGG TGTTCCTCT AACTATTCAC CTGACTATGT TAACgAAACT TGGAACCAAA	3000
5	TTTCTAATTT TAAACAAGGA AATGCCATTT TTACGCATCC AAACACTCCT ATAAAGTGTG	3060
	GAGGTGCGCC TATGAAAATT ATGTATTTAG CTGAAGATTA TTTTAGGAAA CATAAAATCC	3120
	GT	3122

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 520:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3982 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 520:

	ATAnAGATAT AnAtNaATAT ATTGAGGTCA AACGATGATA ATTAaAATTT TAACAATTCT	60
	ATTACTACTT TGTATATTGA GCTATTTGGT TACAAATAGA AAGAAGCCTT TTCTGTTCTT	120
25	AAAGACACTC TTTATGGGTG TGGTATTTAT CTTTATAGGA TATATTTTAC TGGCAATATC	180
	TGCCGTAATT ATTTATGGTA TTATTCAATT TATCACAATT GATTTTGGTA GTTTTTTCTT	240
	AATGGGTATT ATATTGATCT TGATTTCAAG TATATTCCAA TTATTTATAG TTAGATTACT	300
30	TTTTAGAAAA AAGAATGTCG ATTTGACAGA GGTGTCGTT TTAsAsCATT TAATTCAATG	360
	GTTCTTAGTT TACTTTGCGA TCTATCAAGC AGTAAATGAA AAAATGGACA TTAATGATAT	420
35	TAATATCGAC AATTTCCAAT CTGTCTTTTT TGACGTGTCT AATTTGAATT TAGTAATTCT	480
	ACCAACGTTA ATCATTAGCT GGGTCACAAT ATTTAACTAT AGAATGAGAA GTTACAAATA	540
	AAATCTATGA GATTATACCT TCAGACACCA ACATTCAAAT GGTGTCTTTT TTGTTGTGTG	600
40	GTTTTATTTT TGAAATTCGA AAAAGTAGAG GCATGAATTT TTTGACTAGT GTATAAGTGC	660
	TGATGAGTCA CAAGATAGAT AGCTATATTT TGTCTATATT ATAAAGTGTT TATAGTTAAT	720
	TAATAATTAG TTAATTTCAA AAGTTGTATA AATAGGATAA CTTAATAAAT GTAAGATAAT	780
45	AATTGGAGG ATAATTAACA TGAAAAATAA ATTGATAGCA AAATCTTTAT TAACATTAGC	840
	GGCAATAGGT ATTACTACAA CTACAATTGC GTCAACAGCA GATGCGAGCG AAGGATACGG	900
	TCCAAGAGAA AAGAAACCAG TGAGTATTAA TCACAATATC GTAGAGTACA ATGATGGTAC	960
50	TTTTAAATAT CAATCTAGAC CAAAATTTAA CTCAACACCT AAATATATTA AATTCAAACA	1020
	TGACTATAAT ATTTTAGAAT TTAACGATGG TACATTCGAA TATGGTGCAC GTCCACAATT	1080

EP 0 786 519 A2

	TCAAAATCTT GTGAGAGAAT TTGAAAAAAC ACATACTGTC AGTGACACACA GAAAAGCACA	1200
	AAAGGCAGTC AACTTAGTTT CGTTTGAATA CAAAGTGAAG AAAATGGTCT TACAAGAGCG	1260
5	AATTGATAAT GTATTAAAAC AAGGATTAGT TAAATAAAC TTCAATCGTT GCTGTTATCT	1320
	GGAAATAATT AATTAAATGT TATGTTAATT TTTGTTAATG AAAAAAGTAA TCTATTTAAT	1380
	GACAGGTTAA TGTAATTGTC CTGAAATTGA CTATATACTC AGTAAGTATC AATTTTAAGG	1440
10	AGAGCTTATA ATGAAATTTA AAAAATATAT ATTAACAGGa ACATTAGCAT TACTTTTATC	1500
	ATCAACTGGG ATAGCAACTA TAGAAGGGAA TAAAGCAGAT GCAAGTAGTC TGGACAAATA	1560
	TTTAACTGAa aGTCAGTTT ATGATAAACG CATAGCAGAA GAATTAAGAA CTTTACTTAA	1620
15	CAAATCGAAT GTATATGCAT TAGCTGCAGG AAGCTTAAAT CCATATTATA AACGTACGAT	1680
	TATGATGAAT GAATATAGAG CTAAAGCGGC ACTTAAGAAA AATGATTTTCG TATCAATGGC	1740
20	TGATGCTAAA GTTGCAATTAG AAAAAATATA CAAAGAAATT GATGAAATTA TAAATAGATA	1800
	ATAAATAAAA CAGGTTGAGA CAAAAATGG TCTTAACCTG TTTTCAATTT GCATATGTGA	1860
	TAAATCTAT ATCAAAATGC TTATGTATAA TGAATGACAT TTAAAAGTAG GGGAGACAAA	1920
25	TATAAATACA ATAGTTCCTA GGATTACTCT CAAAATAACT ATATCAATTA TTTACTTTGC	1980
	TCTCCTATTT TTTAAAATAT GTACATGTTT AAACAATCAA AAGTGACAA TATTAAATTA	2040
	TCATTTCAG TTCTAGTGCT ATATTGGTAG TAGTTGACTA AATGAAAATA AGCTTATAAC	2100
30	AAGTTTTTTC AATACTCGTG GGGCCACAAC AGAGAGAAAT AGGATCACCA ATTCCAACAG	2160
	ACAATGCAAG TTGGCGGGGC CCCAACATAG AGAAATTGGA TCACCAATTT CAACAGACAA	2220
	TGCAAGTTGG GGTGGGGCCC AACACAGAAG CTGGCGAAAA GTCAGCATAC AAAAATGTGC	2280
35	AAGTTGGCGG GGCCACAACA GAGAGAAATA GGATCACCAA TTCCAACAAA CAATGCAAGT	2340
	TGGCGGGGGC CCCAACATAG AAGCTGGCGA AAAGTCAGCT TACAAAAATG TGCAAGTTGG	2400
	CGGGGCCCCA ACATAGAGAA ATTGGAACCC CAATTTCTAC AGACAATGCA AGTTGGGGTA	2460
40	GGACATCGAT AAAGAAATAC TTTTCTTTA GCAATTAGTA TTTCTTATGC ATGAGCTTTA	2520
	CTCATGTATT CATTTTTTAA GTACaCATTa GCTACAGCTA ATGATAAAGA ACCACTACAT	2580
45	AATAAATCAT TAGTGGTTCT TTATCATTTT TATCTCACTC TTTTACTGGA AGAAAAAGTT	2640
	TACGTTTGTA GAACATGCCA CAATACCAAA AATAATTAAG AAAAATAAGA CGATAAGCAT	2700
	GATGACACTT TTCAAACAAC CTCTATCAGT TTCTTTCGAT TTTCTTTGTT GAACCTTTTT	2760
50	ATAATCTTCA AGTAGTTTTG CGGCTTTTTT ATTTATATGT TTATTCATGA TGTTGACTCC	2820
	TTATAATATA TGTTTAATTC ATTAATAATAG TGAAAACAT GACTTGAAAT AAAGATATAA	2880

55

EP 0 786 519 A2

	AAATTGATGA TGATATTTGC TTTTATTTT CCAAATGGAA TTTACTTAAA CTGATGCATT	3000
	AAAATATTAA TGAAGCACTA GAATACATAA ATGAATAGTa ATGGTGcACA GTATAGAATA	3060
5	ATTAAGGCTA TATTAAGTAT AAATATCGTT AACTGTAAGC TATCTTTAGT TTTAATATAA	3120
	ACTATTAGGA TAATCGACGT AAGAAGAATC ATATATATTA ATGATGAAGA AGTCCATACA	3180
	AAATCCGCAT CATTGTGTGT TAATAATGGG ACTATAATTA ATCCGAAATT AATCATGCAT	3240
10	GCTATATATA CTATAATGTT ATACACAATG TTAATTTTGT TTCACCACCT TATACTTCTA	3300
	TTTTAAAAAC TTCTTTATAA TGATATATTG TTTAATGTTG AAATAATTAG ATTATCTAAT	3360
	TTTCATTGTC TTTACATGTA AAAGGCTATA TATAGTATGC TCTTTATGAT TCTAAATGCT	3420
15	TTTTAATATT TAATGCTCAT CAACATTTGG ATTTTGAATA TTCAATTCAA AAACTTTATT	3480
	AGCTACGTCA ATTGTAAAT CAGAACCATA GTTGACATGA GCTACTTTTA ATTTTCCATC	3540
20	TAAATAATAG ATTGCGATTG CAACATCGTA AAATTCGTCA ATGACAAATA AACTCTTTTC	3600
	GTTTGTTACA ACCTCATGCT CTCCTGAGTA TACAACGTTA ATTTCCCAAT CATTAAAAAC	3660
	CATTGTGTA CCTCCTTGAA CATTTAAATT GATTCAACTT AAGTTTAACT TATTCATACA	3720
25	ACTTCGTACA ATATCTAGAT GAACATTAAT TGTATTTCTA GAAATCTTTT TCAATTATAT	3780
	GTACTAATTA TACTTTTAAA TTTCTTATTT CAGTATAGTT TTAAAACGAT TTTAAAATAA	3840
	TTCTGCAAAT ATATTAACAC ATAATGTGTT CAAAAGTTT TGAACAATTT CAAAACTTTT	3900
30	ATATAAAGGG nTTGACAACA TGGATTCAAA TnTCTTATTT TAAAAATTAC CTCATATAGT	3960
	GTCATGTTAG CCAATTTTTA AG	3982

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 521:

35	(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
	(A) LENGTH: 1353 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
40	(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 521:

45	AGCTTGaTG ATTTAAATaG GtCCtTTCCC AaCctTAGAT AATGAAAGAT tTGATAATCC	60
	TGAATATAAA GAAGCTATGA AAAAATATcA ACAGAGATTT ATGGCTGmAG ATGAGGCTTT	120
	GAAGAAATTT TTTAGTGAAG AGAAAAAAT aAAAAATGGA AATACTGATA ATTTAGATTA	180
50	TCTAGGATTA TCTCATGAAA GATATGAAAG TGTATTTAAT ACTTTGAAAA AACAAAGTGA	240
	GGAGTTCTTA AAAGAAATTG AAGATATAAA AAAAGATAAC CCTGAATTGA AAGACTTTAA	300

55

GTTAGGTAAA ACATTTTATC AAAACTATAG AGATGATGTT GAAAGTTTAT ATAGTAAGTT 420
 AGATTTAATT ATGGGATATA AAGATGAAGA AAGAGCAAAT AAAAAAGCAG TTAACAAAAG 480
 5 GATGTTAGAA AATAAAAAAG AAGACTTAGA AACCATAATT GATGAATTTT TTAGTGATAT 540
 AGATAAAACA AGACCTAATA ATATTCTGT TTTAGAAGAT GAAAAACAAG AAGAGAAAAA 600
 TCATAAAAT ATGGCTCAAT TAAATCTGA CACTGAAGCA GCAAAAAGTG ATGAATCAAA 660
 10 AAGAAGCAAG AGAAGTAAAA GAAGTTTAAA TACTCAAAT CACAAACCTG CATCTCAAGA 720
 AGTTTCTGAA CAACAAAAG CTGAATATGA TAAAAGAGCA GAAGAAAGAA AAGCGAGATT 780
 TTTGGATAAT CAAAAAATTA AGAAAACACC TGTAAGTGTCA TTAGAATATG ATTTTGAGCA 840
 15 TAAACAACGT ATTGACAACG AAAACGACAA GAAACTTGTG GTTTCTGCAC CAACAAAGAA 900
 ACCAACATCA CCGACTACAT ATACTGAAAC AAGCAGACAG GTACCAATGC CTACAGTTGA 960
 GCGTCAAACCT CAGCAACAAA TTATTTATAA TGCACCAAAA CAATTGGCTG GATTAAATGG 1020
 TGAAAGTCAT GATTTTACAA CAACGCATCA ATCACCAACA ACTTCAAATC ACACGCATAA 1080
 TAATGTTGTT GAATTTGAAG AAACGTCTGC TTTACCTGGT AGAAAATCAG GATCACTGGT 1140
 25 TGGTATAAGT CAAATTGATT CTTCTCATCT AACTGAACGT GAGAAGCGTG TAATTAAGCG 1200
 TGAACACGTT AGAGAAGCTC AAAAGTTAGT TGATAATTAT AAAGATACAC ATAGTTATAA 1260
 AGACCGAATA AATGCACAAC AAAAAGTAAA TACTTTAAGT GAAGGTCATC AAAAACGTTT 1320
 30 TAATAACAA ATCAATAAAG TATATAATGG GCA 1353

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 522:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 35 (A) LENGTH: 1987 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 522:

GTCTGAGTCA GGTGCTGTTT GGTTAGATGC TGAAAAACA AGTCCTTATG AATTTTATCA 60
 45 ATTCTGGATT AATCAATCAG ACGAAGATGT AATTAAATTC TTAAATACT TTACTTTCTT 120
 AGGAAAAGAA GAAATTGATC GCTTAGAACA ATCTAAAAAT GAAGCACCGC ATTTACGTGA 180
 AGCTCAAAAA ACATTAGCTG AAGAAGTAAC TAAATTTATT CATGGTGAAG ATGCATTAAA 240
 50 TGATGCAATC CGTATTTTAC AAGCATTATT TAGTGGTGAT TTAAATCAT TATCAGCGAA 300
 AGAATTAAAA GATGGATTTA AAGATGTGCC TCAAGTGACA TTATCAAATG ACACAACAAA 360

55

TGTTAACAAT GGTGCGATTT ATATTAATGG TGAGAGACAA CAAGATGTTA ATTATGCTTT 480
 AGCACCAGAA GATAAAATTG ATGGCGAATT TACGATTATT CGTCGCGGTA AGAAAAAATA 540
 5 CTTTCATGGTT AACTATCAAT AAATATAATT GCATAGCTAA ATAAATTAGA GCCTACTCAT 600
 ATTCATTCTT AAGAATGTAA TGAGTAGGCT CTTAATGTAC TTTTCTGTCT GTAAATTATC 660
 TAAAGAAATC TCTATCGCCT TGGCCAGGTG ATTGACGTTT TGATCGGCTT TGACGTTTTG 720
 10 GTTGTTCCTT TTGTTGTTTT AATTTCACTT TAACTTCTTT TGTTTTACCA TCACGGATAA 780
 CGGTAACAGT GACTGATTCA CCAGGTTTTT TATTTTCATA TAAATAGCTT CTTAAATCAA 840
 CATCATCTTT AATTTTCTTG CCATCAATTT CTGTAATAAT ATCACCTTTT TTAAGATCAA 900
 15 TATCACTATC AGCTTTGGCG ACATAAATAC CGTCTTCTCT ATCAGTATGA AGTTGCTCGC 960
 GCTCTTCTTC AGGAATATCT TTCAAATTAA TTAAACCAAT ACCAATCGAA GGGCGGTCAA 1020
 TTTTACCATG TTTTACAAGT TGTTCAATTG TTACTTTAAC TTCATTACTT GGAATAGCAA 1080
 20 ACCCGATACC TTCAACTTGT GTCGCAGCAA TTTTCATTGA GTTAATACCA ACTAAATTAC 1140
 CATTAATATC TACTAATGCG CCACCTGAGT TACCTGGGTT AATAGCAGCA TCTGTTTGAA 1200
 25 GAACGCTAAC TTTTGTATTG CCACCAGTTG TCTCAGCGTC AATCGTACGT TCGCTTGCTG 1260
 AAATGATACC AGATGTTACA GAGTTAGCAA ATTGTAATCC TAATGGGTTA CCCATTGCGA 1320
 ATACGCTATC GCCAGTTTGT ACTTTTGAAG AGTTGGCAAA TTGAATCGCT TTAATACCTT 1380
 30 TTGTATTTTC AATTTTAAGT ACAGCAATAT CAGTTACTGc ATCTTTACCA ACTAATTTCTG 1440
 CTTTAACTTG TTTTTTATTA TGTAATTGga CTCTAATTTT ATTTGCGCCA TCAATAACAT 1500
 GATTGTTTGT AACGATATAA GCTGAATTGT TGTTTATTTG aTAGATAACA CCTGAACCTA 1560
 35 CTCCAGCTTC AGATGGTTTA GATGATTGTC CyTTTAATAA GTCGCTTACA CTTGATGCTT 1620
 TTtGCATGtK AATAACTCCA ACAATTGTAG GGGAGACAGA TTTTATCATT TCATGAACGG 1680
 TACCGAATTT CTTGCTTTGA CCGTCTAATT GATTGCCACC TTTATTATTT GTTGTCTGAA 1740
 40 CAGTTGAACC ATCTTTATTT AAAATTGTAC TATTTAATAC TTTGCCTATA CCAAGTACTA 1800
 GAAGTGCACC AATAATTCCA GCAATCAATG CAACGATGAC TGThTTAAAC CATGGAAATT 1860
 45 TAGGTCTTCT GTATCTAGGT GTTTGGCTAT GGTTTCTTGT AGAATGATCT GTATGATTAA 1920
 AATCTGACAT ACTTAACCTC CATTATATGA TTTATATATG CTTTAATTAT GTCTTTThTT 1980
 TATAATT 1987

50 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 523:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1351 base pairs

55

(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 523:

	TTAGAAGTCA AATCATTaNT GGCCTCnTAT CGAGTATACT ATTAaCTTCA ACTATTTTAg	60
10	CAATTGCATA TATTTTAATG TGGTTTAACG GCCATATGAC aCTAACTTTG ACCTTAACGA	120
	CAATAATTAC AAGCTGTTTA ACCTTATTAA TATGTAGTAT TTTTATTAAT CCACTTATAC	180
	AAAAAATTAA GCAGTTTAAAT ATAAAAACTA AGCAATTTGC TAACGGAAAT TACGCAAGCA	240
15	ATGATAAAAC GTTTAATTCA CCAAAGAAA TTTATGAATT AAATCAATCT TTTAATAAAA	300
	TGGCTTCTGA AATTACGCA CAAATGAATC AAATTAAATC CGAACAACAA GAAAAAACAG	360
	AACTGATTCA AAaCTTAGCC CATGATTTAA AAACACCTTT AGCAAGCATT ATTTCATATT	420
20	CTGAAGGACT ACGTGATGGT ATAATCACTA AGGATCATGA GATTAAAGAG TCATACGACA	480
	TATTAATTAA ACAAGCAAAC AGATTATCAA CATTATTTGA TGATATGACT CATATTATCA	540
	CTTTAAATAC AGGTAAAACA TATCCCCCAG AATTAATACA ACTAGACCAA TTAaCTTGAT	600
25	CAATATTGCA ACCATATGAG CAACGTATCA AACATGAAAA CCGCACATTA GAAGTGAATT	660
	TCTGTAACGA AATTGATGCA TTTTATCAAT ATCGAACGCC ACTTGAGCGT ATTTTAACAA	720
	ACTTACTTGA TAATGCGCTA AAATTTTCAA ATGTTGGTAG TCGCATTGAT ATTAATATTA	780
30	GTGAAAACGA AGATCAAGAT ACTATCGACA TTGCTATTAG CGATGAAGGT ATTGGCATTa	840
	TACCAGAACT ACAAGAACGT ATATTCGAAC GTACATTcAG AGTAGAAAAC TCTCGTAATA	900
35	CAAAAACGGG TGGTTCTGGA TTAGGCTTAT ATATAGCTAA TGAaCTCGCG CAACAAAATA	960
	ACGCAAAAAT CAGTGTAAGC AGTGATATAG ATGTAGGAAC TACGATGACT GTAAcATTAC	1020
	ACAAATTAGA CATTACGTCA TAATCCGATT TATTATATAA ATAAAATGCA AAGACTAAAA	1080
40	AGAAGCTCCC ATTAATGAGG GCTTCTTTTT TTGTTTATTT AGAATAAACT TTATGGGTAT	1140
	CCTTCTCATC ATTTTCAAGA CTTGAAAGAT TTGTAGCTTG AATAATATAT TTAGGACGTG	1200
	CCTTAACTTC ATAATATATC CTGCCAATAT ATTcACCTAC AACACCAATT GAAATTAACT	1260
45	GTATGCCGCC TAATAATAAA ATAGCTGCAA TCGTTGAAAA ATATCCCGGA ATATTAAcAC	1320
	CAGATATCAT AATATTGATG GAATAAATAG A	1351

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 524:

50

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 433 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double

55

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 524:

5 TTGTTGTCAG TTTAACGCAA CGTGTACCG ACTTTTCAAG TACACAAcAA TATATATGTC 60
 TATTCCATTT TTAGCCCCcTG CCATTTTCAT CATTGGTGGT ATTATGTTGT TTATTTCAAC 120
 ATTTAATAGC TTAGATGAAA CTGCTGAAAA TAATAACAAA ATAAAGAAAC TAATGATTAA 180
 10 AGGACTTATC ATTATTAACA TTTCATTTAT CGTTATGATG GTTTTAACAC CATATTGGTA 240
 CTTGTATTTA ATCGTCTATC TTATTTTCTT GTTGTTTTTA TTGTGGCAAA AGGTTTATAA 300
 ATTTTAATAC CAAAACATTT AAACACTTCT GATATTCTTA GTTCAAAATA TCAGAAGTGT 360
 15 TTTATAGTGT TATCTAGTTC AGATAAATAT TTCCTTACTT AAAAAAACGC CCTCCTCTTA 420
 TTTTGACCCC nAT 433

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 525:

20 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1845 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 525:

30 CCCCCACTAT GATATGCTTG GCCTATTGCG TCAATCCCCT TATATTTTCGG CAATAGAGAT 60
 GGATGTATAT TCAATATTTT ACCTTCAAAT GAAGCTAATA AGTCTGGACC AATTAGACGC 120
 ATGTAGCCAG CTAGAATAAT CCACTCTACC TTATCTTCAT TTAATAATGT TACTAAATGT 180
 35 TGTTCATACG CTGCTTTTGA ATCAAATTGT TTTGGTTCAT TAATATAAAC AGGAATATCG 240
 TGCTTTTTTG CTCTATCTAT ACAAACGCA TTTTGATGAT CCGTATATAG CGCCGTAAC 300
 TCAATATTTT CAAGTTTTTC TGATTCAACA TGCTCAACTA TATTTkCAA GTTACTTCCT 360
 40 GAACCTGATG CAAAATCGC AATTTTAACC ATTGTTATAC CCCCAACAAT TCAATTGCAG 420
 TTGACTCATT TTTCACAATA TGACCAATTT GATAGGCTTC CACATTTTGT TCTGCTAAAA 480
 TCTTCAAAGC GCGTGATACA TCTTTTTCAT CAACGATAAC CGTATAGCCA ATACCCATAT 540
 45 TAAAAATGTT ATACATTTCA TTTGTGTCTA TATTGCCTTG TTGTTGTAAC CAATCAAATA 600
 TTTTGGTGT TGGAAATGAT GTAGTATCAA TTCTAGCAGC ATATCCGGCT GGCAATGCAC 660
 GTGGAATATT TTCATAAAAA CCTCCACCAG TAATATGATT CATTGCCTTA ATAGAACTT 720
 50 CTTTTTTCAA AGCAAGTACA GGTGTGACAT ATAATTTAGT TGGTTCTAAA AAGACATCGA 780

5 GCACTAAACT GTATCCATTT GAATGAATGC CACTTGACGC AAGCCCTATA ACAACTTGTC 900
 CCTCTTTCAC TTCTGAACCA TCTACATAGT CATCCTTTTC AACTGCTCCA ACAGCAAATC 960
 CAGCTACATC ATATTGCGCT TCGTGATACA TTTCACCCAT TTCAGCAGTC TCTCCACCGA 1020
 TAAGTGCAGT ATTCGTTTCA ACACATGCAT CACTAATACC TTAAACAATT TGTTCATAAA 1080
 10 CTTCAGGAAC AACTTTGTTT GTAGCAATGT AATCTAAAAA ATATAATGGT TCTGCACCTG 1140
 TCGTTAAAAT ATCATTAAAC CACATTGCGA CTGCATCGAT ACCTATCGAA TCATGTTTAC 1200
 CATAGTCGAT AGCTAGTTTT AATTTGCTAC CTACTCCGTC TGTTCAGAA ACTAAAACG 1260
 GCGCTGTCAT ATTTAATTGT GATAAATCAA ATGTAGCACC GAATCCACCT AAACCACCGA 1320
 15 TAACTTCTTT ACGCATCGTA CGTTTAACAw GaCtAGaCaT TctTTCTaCA GCTTCATAAC 1380
 CAGCATGAAT ATTTACACCA GATTGTTTCAT ATGCTTTAGA CATTTAAATT TCCCTCGCTA 1440
 20 TCAAAAAAGT GTTTGTTTTT AGAAATATAT TGCTTTTGTC GATGACTTAA ATGCGCTTTA 1500
 TAATTTGCTT CATAATCATA TAACCCTGCA GGATAATCTC CAGTGAAACT TTCTACACAT 1560
 AAGCCACTAT ATGGCGCGTC ATAATCTAAA CCAATTGATT CAATTAACCC ATCTACAGAT 1620
 25 AGATATGCTA ATGAATCAGC GCCAATATAA TCTTTAATTT CTTCAGGTGA TTTGCTTGCA 1680
 GAAATTAATT CTGCCGTAGT TGAAACATCG ATTCCGTAAA AACTGGAAA CATAAATTCC 1740
 GGTGATGCTA TACGCACATG CACTTkATTT GCACCAGAAT CkTTTAACAT TTTCACAATG 1800
 30 CGTCGAATTG TCGTACCGCG TACAATGGAA TCATCAACAA GACTG 1845

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 526:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1141 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 526:

TCATAAATnG TAAATGTTAA TCGTCATATA ATATTAATTT ACAACACCAT TTTGGTTATT 60
 TGAAGCTTGT GCGCGTTGTT GTGTGCCACC TTGATTTTGA TTTGAGTTT GATCTGTAGC 120
 45 AGGTTGTTGT TGATTGCTGG AmtCACTGTT ATTAGTTGAm TCACTGTTCT CGTTAGATGT 180
 CTTATCTTTA TCTGTCGTAT CATTTTGTTT TTTCTCAAT AAATATTAT CTAAAGGCGT 240
 50 TAATGGTATT AATGAACCAT AATGATTAAT GACACGTTGA TCTAAGAAAT CATTTTATC 300
 ATTAATAGGT GATAATTCTA AGTCTTTACG AAGTAAGTTT GCATATTTT GAATGCTTTC 360

AGTTTAAATT TCAACATCAT TTGTTaAGTA CATTTTGGCT AAAGCTTTAA TTTCAGAGTT 480
 AGTTAAATTA TGCTTTGCAT TTTTACCTAC AATTGAATC ACGTTATCAA GTTTATCAAT 540
 5 AGAATCAACT TCCTGTGCTT TTTGGAATAA AATCTTAATT AATTCCATTT GACGTTGTCC 600
 ACGTTTAAAG TCTGAATCAT GATGTCTAGT TCTAGCAACT GCTAAAGCCT CATCACCATT 660
 10 TAATTTTGG TACCCTTTTT TAATTTTAAT CTTACCAGTA TCATCTGTGT TAGGTTTCATT 720
 TAAGTCGTAT GGCACATCAT AGTATATGCC ACCAAGCTCA TTTACAGCCT CGACAAATGC 780
 TTTCATATTG ACTCTCACAT AATAATCAAC AGGTACATTC ATGGTAGCTT CTACCGAATC 840
 15 CATTGCGGCA ATTGGACCAC CATATGCATG TGCATGGGTA ATCTTATCGT AATAGCCAAC 900
 TTTAGGAATG TAGCTGATAG TATCACGTGG AATACTAAGC ATTCTAATTT GATGTTTTGA 960
 TTGATTAAAA GTAGTTAAAA TCATAGCGTC TGATCTAGAG TGTTCAGCAT CCTGTCCTTT 1020
 20 TTTTCTTCTT CCATCGTTAT CATCGATACC TAAGAAAAGA ATAGAGATAG GTTGTTCCTT 1080
 GGGATGACTT TATTATCTCT TAAGTTGGAT TGACGTTAGC ATTTTGTCTG TCTTGAGAAG 1140
 A 1141

25 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 527:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1565 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 30 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

35 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 527:

GCACCATTAG CATGGGcnc ACTGATTGGA GTAnCAGTTG TTGAAAATTC GGCGCCAACA 60
 AGTAAACmGG CmCaGGCaGC mATAmCCCCa TATTATAcTT ATAATGGTTA TATTGGTAAT 120
 40 AATGCTAATT TTATTCTGGA TAAGAATTTT ATTAACGCGA TTAAGTATGA TAATGTGAAA 180
 TTCAATGGTA TTAAATTAGC TAAAACGAAT ACGATAAAAA AAGTAGAGAA ATATGATCAA 240
 ACTTTTAAAG GTGTTTCTGC AAAAGGAAAC GAAGCAAGTC AATTGCAATT TGTAGTTAAA 300
 45 AATAATATTT CATTAAAAGA TATCCAAAAA GCTTATGGCA AGGACTTGAA AAAAGAAAAT 360
 GGTAAAACAA AGGAAGCTGA TAGCGGTATT TTTTACTATC AAAATGCTAA AAAGACATTA 420
 GGCATCTGGT TTGTCGTTGA TCATAATAGA GTTGTCGAAG TAACAGTTGG ACATACACCA 480
 50 TACAAAACAA GTAAATAAAA TAATGGCATA TTAAGGCTAG AGTGTGAGGA GTGATACCGC 540
 ATTCTAGTCT TTTTATTAA ATAATAACGA TTATTGCGTC TTACATAGTT GTTTGAAATT 600

55

GATTAAGTAT ATAGAGCACT ATTTTGTATT TGTTAATATT TTCACAAAAA TAAAGCCTTG 720
 ATAAATTTTA AAATATAATT AAGCTCAATT TTTAAATTT TATTTAGCTA CAGATAACAT 780
 5 TTTTAAAAAA GAAAAGAATC AATAAATAAA ATCAACGAAC AAAAAGTATA GAAATAAATA 840
 GAAATAATCA TTTACTTTTC TGAAAAATTA AATTAATATT TTATTTATAA GCTGTTTTTA 900
 AGATTTcAGG AGGAATGAAA TGTGaGGAAA TTTTCAAGAT ATGCATTTAC AAGTATGGCA 960
 10 GCATTAACCT TGTTGAGCAC TTTATCACCA GCAGCATTAG CGATTGATTC AAAAAATAAA 1020
 CCAGCTAATT CTGATATTAA ATTTGAGGTG ACTCAAAAGA GTGATGCGGT CAAAGCATTa 1080
 15 AAAGAATTGC CTAAATCCGA AAATGTAAAA AATATTATC AAGATTACGC TGTTACTGAT 1140
 GTAAAACTG ATAAAAAGG ATTTACGCAT TATACATTGC AACCGAGTGT TGATGGTGT 1200
 CATGCACCTG aCAAAGAAGT GAAAGTACAC GCAGACAAAT CAGGAAAAGT CGTTTTAATC 1260
 20 AATGGGGATA CTGATGCGAA GAAAGTAAAG CCAACGAATA AAGTGACATT AAGTAAAGAT 1320
 GACGCAGCCG ACAAAGCATT TAAAGCAGTT AAGATTGATA AGAATAAAGC GAAAAATCTT 1380
 aAAGATAAAG TCATTAAAGA rAACAAAGTT GAAATCGATG GTGACAGTAA TAAATACGTT 1440
 25 TATAATGTTG AGTTAATTAC AGTGACACCA GAAATTTCAC ATTGGAAAGT TAAATTGAT 1500
 GCTCAAACCTG GCGAAATTTT AGAAAAATG AACTTAGTTA AAGAAGCTGC AGAAACTGGT 1560
 AAAGG 1565

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 528:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2870 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 528:

GGATAGGTAA ATCCATTCAA AATTGGTTGT ACTCATTTTA AATCATATTT TTTAATATAG 60
 AAACACATAA TTAAAGGAGT GATGATATTA ATGAATAAAC TTCGAGACAC TACTTTTCTA 120
 45 TCATATTTAT TTAATATCAT ATTGTGGGGA TCTGCATTTC CAATGATAAA GATTGCGTTA 180
 AATGATTTTA GTGCAGAATC ATTGTCGGCA TTTCGTTTAA TTTTAGCAAC AATAATTCTC 240
 TTGCCGTTTC TAATTATAAA GAAATTGCCT ACCCCTGAAC TAAGAGATAT CCCTGTTATT 300
 50 TTTATTTTAG GATTTTGTGG ATTTGTGATA TATCACACAG CTTTAAATTT TGGTGAAaCT 360
 TTGATTAGTG CAGGTATatC TGGrATTcyA GTCTCTACAA CGCCTATTTT TTCTAGTGCT 420

GCATTTATAG GAATATCCAT TATTTCAATA AGTAAAGATG ATTACACAAC TATTAATGTA 540
 TTAGGTGTTT TTATTATTTT ACTTGCACTCT TTTAGTGAAA GTTGTATTT TACTTTCCAG 600
 5 AAAAAATACA TAGAAAAATA CGGCTTCATC GCTTTCACAC TATATACAAT AATGGCAAGC 660
 TCACCATTTA TGCTTATTTT TATTCCTGAA ATCATCAACG ATATACACGG CGCCACTTTT 720
 10 ACATCAATAG TATCGGTACT TTATTTAGCT ATATTCCCTA CTATAATTCC ATACGTTTTG 780
 CTTGCTTATA TTGTGAAGTC AGTTGGTGTC TCTGATGCAA CAATGTCTCT TTATTTAACA 840
 CCTATCGTTT CTTTATTATT ATCTTATCTG TTATTAGACG AGCTACCAAC AACCCCTGCT 900
 15 ATTATAGGCG GAATTATCAC TCTACTAGGC GTTAGTTTAA GTAACCTCTT TCAAAATACA 960
 TAATTATTCC AAGTCCCGCA CCTCAGAATC CAAAAACATT CGAGTGATAA AATTTTAAAA 1020
 ATCAAAAATA TAAAAATGAT CTAATTTTCGT CAAATTTACC AATATAAATA CTAATATTTG 1080
 20 CAATTCACAA AGGGGTATAG TCTGAGTGTA TTCTAATACG AAAGGACTTG GTGGATATGT 1140
 ATTACAGTTA TGGAAATTAT GAAGCATTTG CGCGCCCTAA AAAACCTGAA AATGTAGAAA 1200
 ACAAATCCGC TTACTTAATC GGATCTGGTC TAGCTTCACT TGCTGCAGCT TGTTTTTTAA 1260
 25 TAAGGGATGG TCAAATGGAA GGTTCGAAGA TTCATATTTT AGAAGAGTTA CCTAAAGCAG 1320
 GTGGTAGTCT TGATGGTGAA AATATGCCCT TAAAAGGCTA TGTGTCCGC GGTGGTCGTG 1380
 AAATGGAGAA CCACTTTGAA TGTTTGTGGG ACTTATTCAG ATCTATCCCT TCATTAGAAA 1440
 30 TCGATAACGC GTCTGTATTA GATGAGTTCT ATTGGCTAAA CAAAGAAGAC CCTAACTATT 1500
 CTCGCTGTCG TGTTATTGAG AAACAGGGTC AACGTTTAGT CACAGACGGA GACTTCACTT 1560
 35 TGAATAAAC GCGGATTAAA GAAATTTTAG ATTTATGCTT AACGAATGAA GAAGATTTAG 1620
 ATGATGTCAA AATAACAGAT GTATTTTCCG ATGACTTCTT TAATTCAAAC TTTTGGATTT 1680
 ACTGGAAAAC GATGTTTGCA TTTGAACCGT GGCATTCTGC AATGGAAATG CGTCGCTATC 1740
 40 TAATGCGATT CGTTCATCAT ATTAGTGGTC TCGCAGACTT TTCAGCTTTA AAATTCACTA 1800
 AATATAATCA ATATGAATCT TTAGTATTAC CTATGGTTGA ATATTTAAAA TCGCATGGGG 1860
 TTCAATTTGA ATACGATGTA AAAGTCGAAG ATATTAAAAT AGATGTTACG ACAAGTCAAA 1920
 45 AAATTGCCCG AGAAATATTA ATTGACCGTA ATGGTAATGC AGAATCTATT AACTGACTA 1980
 TAAACGATCT TGTCTTTGTG ACAAACGGTA GTATTACAGA AAGCTCTACT TATGGTGATA 2040
 50 ATGATACACC AGCGCCACCA ACTGACGAAT TAGGTGGTAG TTGGACACTA TGGAAAAATT 2100
 TAGCGCGACA AAGTCCTGAA TTTGGTAATC CTGATAAGTT TTGCCAAAAT ATTCCTAAAA 2160
 AAAGTTGGTT TGTTTCAGCA ACTTCTACAA CAAACAATAA AGAGATTATC GATACAATAG 2220

55

TCAATGATTC TGCATGGCAA ATGAGTTTTA CAATCAATCG TCAGCAACAG TTTAAAGACC 2340
 AACCTGAAAA TGAAATATCT ACATGGATTT ATGCCTTATA TTCAGATGTA AACGGCGATT 2400
 5 ATATTAAAAA GCCAATTACA GAATGTAGTG GTAATGAAAT ATGCCAAGAA TGGCTGTATC 2460
 ACTTAGGTGT ATCAACTGAC AAAATTGAAG ACTTAGCAAA ACATGCATCT AATACGATTC 2520
 CTGTTTATAT GCCATATATC ACATCTTATT TCATGACGCG TGCTATCGGC GACAGACCTT 2580
 10 TAGTCGTCCC GCATCAATCT CAGAACTTAG CATTATTGG TAACTTTGCA GAAACAGAGC 2640
 GAGACACTGT ATTTACAACA GAATATTCGG TTCGTACTGC CATGGAAGCT GTTTATCAAT 2700
 TACTAAATAT AGATCGTGGT ATTCCAGAAG TCATCAATAG TCCATTTGAT CTTGCGTCT 2760
 15 TAATGGATGC CATATACGAA CTGAATGACC ACCAAGATTG GCGTGAGATT ACTAAAGATT 2820
 CGAAATGCA AAAACTCGCA TTAGCAGGAT TCCTTAAAAA GATAAAAGGT 2870

20 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 529:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 3105 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - 25 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 529:

30 CnGTTTAGCT GCAAAAAGTA AATAACGACA CTGTATTTGG AATTTTGCAA TTAGAAACAC 60
 TTTTGGGTGA CATTAACTCA ATTTTCAGCG AGATTGAAAG CGAATACAAA ATGTCTAGAG 120
 AAGAAATTTT AATTTTACTA ACTTTATGGC AAAAAGGTTT TATGACGCTT AAAGAAATGG 180
 35 ACAGATTTGT TGAAGTTAAA CCGTATAAGC GTACGAGAAC GTATAATAAT TTAGTTGAAT 240
 TAGAATGGAT TTACAAAGAG CGTCCTGTTG ACGATGAAAG AACAGTTATT ATTCATTTCA 300
 40 ATGAAAAGTT ACAACAAGAG AAAGTAGAGT TGTGGAATTT CATCAGTGAT GCGATTGCAA 360
 GTAGAGCAAC AGCAATGCAA AATAGTTTAA ACGCAATTAT TGCTGTGTAA GTTTAATAGC 420
 ATAAAAAGAG GTTTTCATTA AGTTGAAAAC CTCTTTTGTG TGTGGCATT AATTTTCAA 480
 45 ATGTTGACTA CTCAATCCTA AATTATAAAT AGTATAGCGC aCAAaTGCTT AAGAAATTTT 540
 TTCTATGGCA CAAATGAATG GAGCATGATT ACGTTGGTTT AAAAATTGAT ATTGCAAAAC 600
 TTGCGCATGC TTTTGATCCA AAGTACTCAA GTAATCAAGC AATGCATGCT TCTCAATTG 660
 50 TCCTTCGCTA TGACCATGAT ATATAACAAG TACAATAATA CCTTCAATTG ACATTAATGA 720
 TAGCAATGAA TTAATAGCTT GGATTGTCGT GTCAGGCTTT GTCACGATAG ATTTATCACC 780

55

EP 0 786 519 A2

	TATATGATGT TCAATATTTT CATGTCCATC TTTTATTAAA GAAACATGAT TGAAATCCTT	900
	AACCTTTATCA CGTGTATTTT CCAAAGCTAA ATCTTGAATG TCGAAACCAT AAACATGTCC	960
5	TTCTGGTACT TGTTCGGCTA AAAATAAAGT GTCATTGCCG TTACCGCAAG TTGCGTCTAC	1020
	AACAATACTT TCTGGTGTTA TATGTTGTTT AATAAGTGTT TTTGAAAAAG GGAGTATACG	1080
	TTCTAATTC ATTGCTTCAC CTTAGACTTG TAACGCAAGC CTTGATAAGA ATTTCTACGT	1140
10	GCTAATTCAG CATCGATGCC ATTTAATACT TCCCATTTAT TAACACTCCA CATTGGACCT	1200
	ACCATGATAT CTATTGGACC ATCACCGGTA ATTCCGGTGAA CGATCATTTT AGGGGGAATC	1260
	ACTTCTAATT GGTCCACAAC TAGGTTTGTG TACTCTTCTT GAGTCATAAA AGTTAATAAA	1320
15	CCTTTATCGT ATTGTTTTAC CATCGGTGTA CCTTTTAAAC AATGAAGTAA ATGAATTTTA	1380
	ATACCTTGTA CATCCATTG TGCACTTCTT TGGCAGTAGC CATCATCATG TCATAGTCTT	1440
20	CGCCAGGTAA GCCATTAATG ATGTGTGTAC ATACATTGAT ATTATGCTTA CGTAATTTTG	1500
	CCACACCATC ATAATAAGTT TTCATATCAT GGGCAGGATT GATTAAATCA GATGTTGACT	1560
	GATGGATTGT TTGTAGTCCT AATTCAACCC ATAAGTATGT TCGTTGATTC AAATCTGCTA	1620
25	AATATTCGAC AACATCGTCT GGTAGACAGT CAGGACGCGT ACCAATAGAT AATCCCACAA	1680
	CACCCGGTTC TTTAAGTACA GGTTCGAATT TTTCTTTTAA TACTTCAACC GGTGCATGTG	1740
	TATTTGTAAA TGCCTGAAAA TAAGCAATAT ATTTTCCTTC GTGCCATTTT TCATGCATCT	1800
30	TTTCTTTAAT TTCTTTAAAT TGTACTGCCA TTGAATCTGC ACGATTACCT GCAAAGTCTC	1860
	CGCTACCTGC AGCAGAACAA AATGTACATC CACCATGTGC TACAGTGCCA TCGCGGTTAG	1920
	GACAGTCAAA CCCGCCATCC AATGCAACTT TAAATATTTT TTGTCCAAAT TTATTTTTTA	1980
35	AATGGTAATT CCATGTGTGA TAACGTTTGT TTTCAAAGC GTATTGGAAA TGATTGCCCA	2040
	TATGTCATTT TCCTTTCTAT AAAAAAGAG TTCTAAGTAC AGATTTTAAC ATATTTTAAT	2100
40	GTTATAGTGT TTATTATAGT TTGACAAAAA AGAGAGAGGA ACTATGAAAT ATGAATATAC	2160
	CTAAATCAGT CTGGTGGCTA GTAATTGGCA TGGCGTTAAA TATTACTGGT TCCAGTTTTT	2220
	TGTGGCCTTT AAATACAATT TATATGAAAC AAGAACTTGG AAAAAAGTTA ACTGTTGCTG	2280
45	GTTTAGTGCT AATGATAAAT TCATTGGCA TGGTTATTGG AACTTATTA GGTGGTTCAC	2340
	TATTTGATAA ATTAGGTGGA TACAAGACGA TTTTAATTGG AACTTTCACT TGTCTTTGTA	2400
	GTACAACGCT ACTTAATTTC TTTCACGGGT GGCCTTGGTA TGCTGTATGG CTGTGAATGT	2460
50	TAGGGTTTGG TGGCGGAATG ATTATTCCTG CGATATACGC TATGGCTGGA GCAGTGTGGC	2520
	CAATGGCGG AAGACAAACG TTTAATGCCA TATACTTAGC GCAAAATATT GGTGTGGCTG	2580

55

ATCTTATTAT GTATGTTGTG TTGCGCTTG TCGCGGTAAC GCAATTTAAT ATTGAAATTA 2700
 ATGCGAAAGT TAAATATCCA ACTCATTTAG ATATTACTGG TAAAAAGAAT AAAGCAAGAT 2760
 5 TTATTTTCATT AGTACTAATT TGTGCAATGT TTGCAATTTG TTGGGTTGCA TATATTCAAT 2820
 GGGAGTCTAC AATCGCTTCA TTTACACAAT CTATTAATAT TTCAATGGCA CAATATAGTG 2880
 TTTTATGGAC AATTAACGGA ATAATGATTT TAGTAGCACA ACCATTAATT AAACCGATTG 2940
 10 TCTATCTGTT AAAAGGAAAC TTAAAGAAGC AAATGTTTGT CGGCATCATC ATTTTTATGT 3000
 TGTCGTTCTT TGTCACGAGT TTTGCCGAAA ACTTTACAAT ATTTGyTGTC GGTATGATTA 3060
 15 TTTTAACTTT TGGAGaATGT TTGTATGGCC AGCAGTTCCA ACTAT 3105

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 530:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 5532 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 530:

TAATGATTAA ACCAGATGCA GTACAAAGAA ATCTAATTGG TGAAGTAATT TCAAGAATTG 60
 AAAGAAAAGG ACTAAACTT GTCGGTGGTA AATTAATGCA AGTACCAATG GAACCTGCTG 120
 30 AAACACATTA TGGTGAACAC CAAGGTAAAC CATTTTATAA TGATTTAATT TCATTTATTA 180
 CATCAGCACC AGTGTTTCGA ATGGTAGTTG AAGGTGAAGA TGCAGTTAAT GTATCTAGAC 240
 ATATTATTGG CAGCACCAAT CCTTCAGAAG CTTACCAGG ATCAATTAGA GGTGATTTAG 300
 35 GTTTAACTGT TGGTAGAAAT ATCATTACAG GTTCAGATTC ATTAGAGTCT GCTGAACGTG 360
 AAATTAATCT ATGGTTTAAT GAAAATGAAA TTACTAGCTA TGCTTCACCA CGTGATGCAT 420
 40 GGTTATATGA ATAAAATATA AACTGTAAAC CTTTACGATT TATTTATAAA GGTAGAAAGG 480
 GTTTTGTTAT GTGGTTAGTC ATTATGaTTA TACATAACAA GGCCCGTTTT TTATGTTGTA 540
 GTAAATTACT TGAAAAATTT TATAGTTTTT KGGTAACACG TAtTaAAAAg AGAGGAATAT 600
 45 TCTTTATCAA ATGAAACTAA ACAGAGAGAA GGGGTTGTTA AAATGAAGaAA TATTATTTTCG 660
 ATTATTTkGG GGATTTTAAT GTTCTTAAAA TTAATGGAAT TACTATATGG TGCTATATTT 720
 TTAGATAAAC CACTTAATCC TATAACAAAA ATTATTTTTA TACTGACTCT CATTTATATT 780
 50 TTTTATGTAT TAGTAAAAGA ATTGATTATA TTTTGTaAGT CAAAGTATAA CAAAAGCGCT 840
 TAACATATGT ATATTTTAAT ATCATAATTT TTTTAAACGG ACTGATTAAC TTTATTAATA 900

GATACGATTA TATTAACG GCTAATCATT TTTAATTAAT GATTATATGA TGCAACTGTT 1020
 TAGAAATTCA TGATACTTTT CTACAGACGA ATATATTATA ATTAATTTTA GTTCGTTTAA 1080
 5 TATTAAGATA ATTCTGACAT TTAATGAG ATGTCATCCA TTTTCTTAAT TGAGCTTGAA 1140
 AACAAACATT TATGAATGCA CAATGAATAT GATAAGATTA ACAACATATT ATAATGTTAT 1200
 CGTGAAGTA TGAAAGGAGC GAGTGTGTAT GAGATACCTA ACATCAGGAG AATCACATGG 1260
 10 ACCTCAATTA ACAGTTATTG TTGAAGGTGT ACCTGCAAAT ATAGAAATTA AGGTTGAGGA 1320
 TATTAATAAA GAAATGTTTA AGCGTCAAGG CGGTTACGGA CGTGGACGTC GTATGCAAAT 1380
 TGAGAAAGAT ACAGTAGAAA TAGTATCAGG CGTTAGAAAT GGTATACAT TAGGTAGTCC 1440
 15 AATTACTATG GTTGTAACCA ATGATGACTT TACGCATTGG AGAAAAATTA TGGGAGCAGC 1500
 TCCAATAAGT GAAGAAGAAC GTGAAAATAT GAAACGTACT ATTACAAAAC CAAGACCTGG 1560
 20 TCATGCAGAT TTGGTTGGAG GTATGAAATA TAATCATCGT GATTACGAA ATGTGCTAGA 1620
 GCGATCATCT GCTAGAGAAA CAGCAGCTCG AGTTGCAGTC GGTGCCTTAT GTAAAGTGTT 1680
 ATTACAACAG TTAGATATCG ATATATACAG TCGTGTGTGTT GAAATAGGTG GAATTAAAGA 1740
 25 TAAAGATTTT TATGATTCAG AACATTTAA AGCAAATCTT GATCGTAATG ATGTTGCTGT 1800
 AATTGATGAC AGTATCGCAC AAGCAATGCG AGATAAAAT GACGAAGCTA AAAATGAAGG 1860
 AGATTCAATT GCGGTGTGCG TTCAAGTTGT AGTTGAAAAT ATGCCTGTTG GTGTAGGTAG 1920
 30 TTATGTGCAT TATGATCGTA AGTTAGATGG TAAGATTGCA CAAGGTGTTG TCAGCATAAA 1980
 TGCTTTTAAA GGTGTAAGCT TTGGTGAAGG ATTTAAAGCA GCTGAAAAGC CAGGTAGTGA 2040
 35 GATTCAGAT GAAATCTAT ATAATAGTGA AATTGGTTAT TATCGTGGAT CTAATCACTT 2100
 3GTGGTTTA GAAGGCGGTA TGTCAAATGG AATGCCAAT ATCGTTAATG GTGTAATGAA --- 2160 ---
 CCAATTCCA ACGTTATATA AACCATTAAA TTCAGTAGAC ATTAATACTA AAGAAGACTT 2220
 AAAGCAACA ATTGAACGTT CTGATAGTTG TGCTGTTCTT GCAGCAAGTA TCGTCTGCGA 2280
 CATGTCGTA GCATTTGAAA TAGCAAAAGC ATTATTGGAA GAATTCCAAT CAAATCATAT 2340
 3AGCAACTT AAACAACAAA TTATTGAGCG CAGACAATTA AATATTGAGT TTAAACAACA 2400
 GAACAATTG AGGTGTAATC ATGAAATTAC AAACAACATA CCCTTCAAAT AATTATCCAA 2460
 ATATGTTGA ACACGGTGCA ATTGACCATA TTAGCACGTA TATTGATCAG TTTGATCAAA 2520
 TTTTATATT AATTGACGAG CATGTAAATC AATATTTTGC TGATAAATTT GATGATATTT 2580
 ATCATATGA AAATGTACAT AAAGTTATTA TTCCAGCTGG TGAAAAGACG AAAACATTTG 2640
 3CAATATCA AGAAACATTA GAGTATATTT TATCCCATCA TGTAACCTCGT AATACAGCAA 2700

	ACGAGGCGTG CACTTTATAC AAGTGCCAAC GACTATACTA GCGCATGATT CTAGTGTTGG	2820
	CGGTAAAGTG GGTATTAAC TAAAGCAAGG TAAAAACCTT ATCGGTGCAT TTTATCGTCC	2880
5	AACTGCTGTG ATTTATGATT TAGTCTTTTT AAAGACGTTA CCATTTGAGC AAATATTAAG	2940
	TGGCTATGCA GAAGTTTATA AGCATGCGTT ATTGAATGGT GAATCAGCGA CGCAAGATAT	3000
	CGAACAGCAC TTAAAGATA GAGAGATATT ACAGTCATTA AATGGTATGG ATAAATATAT	3060
10	TGCTAAAGGT ATTGAAACGA AGCTGGATAT TGTTATTGCA GATGAAAAAG AACAAAGGTGT	3120
	ACGTAAATTT TTAAATTTAG GTCATACATT TGGTCATGCT GTTGAATACT ATCATAAAAT	3180
	ACCTCATGGT CATGCAGTGA TGGTTGGCAT TATCTATCAA TTTATAGTTG CGAATGCTTT	3240
15	GTTTGATTCT AAGCATGATA TTAATCATT TATTCAATAT TTAATACAAC TCGGCTATCC	3300
	TTTAGACATG ATAAC TACT TGGATTTTGA AACGTTATAC CAATATATGC TAAGTGATAA	3360
20	AAAGAATGAT AAGCAAGGTG TACAAATGGT CTTGATTAGA CAATTTGGAG ATATCGTTGT	3420
	ACAACATGTT GATCAACTAA CATTACAACA TGCATGTGAA CAATTAAAAA CATATTTTAA	3480
	GTAGGTGAAT GAAATGGTAA ATGAACAAAT CATTGATATT TCAGGTCCGT TAAAGGGCGA	3540
25	AATAGAAGTG CCGGGCGATA AGTCAATGAC ACACCGTGCA ATCATGTTGG CGTCGCTAGC	3600
	TGAAGGTGTA TCTACTATAT ATAAGCCACT ACTTGGCGAA GATTGTCGTC GTACGATGGA	3660
	CATTTTCCGA CTGTTAGGTG TAGAAATCAA AGAAGATGAT GAAAAATTAG TTGTGACTTC	3720
30	CCCAGGATAT CAATCTTTTA ACACGCCACA TCAAGTATTG TATACAGGTA ATTCTGGTAC	3780
	GACAACACGA TTATTGGCAG GTTTGTTAAG TGGTTTAGGT ATTGAAAGTG TTTGTCTGG	3840
	CGATGTTTCA ATTGGTAAAA GGCCAATGGA TCGTGTCTTG AGACCATTGA AACTTATGGA	3900
35	TGCGAATATT GAAGGTATTG AAGATAATTA TACACCATT AATTATTAAGC CATCTGTCAT	3960
	AAAAGGTATA AATTATCAAA TGGAAGTTGC AAGTGCACAA GTAAAAAGTG CCATTTTATT	4020
40	TGCAAGTTTG TTTTCTAAGG AACCGACCAT CATTAAAGAA TTAGATGTAA GTCGAAATCA	4080
	TACTGAGACG ATGTTCAAAC ATTTTAATAT TCCAATTGAA GCAGAAGGGT TATCAATTAA	4140
	TACAACCCCT GAAGCAATTC GATACATTAA ACCTGCAGAT TTTGATGTTT CTGGCGATAT	4200
45	TTGATCTGCA GCGTTCTTTA TTGTTGCAGC ACTTATCACA CCAGGAAGTG ATGTAACAAT	4260
	TCATAATGTT GGAATCAATC CAACACGTTT AGGTATTATT GATATTGTTG AAAAAATGGG	4320
	CGGTAATATC CAACTTTTCA ATCAAACAAC TGGTGCTGAA CCTACTGCTT CTATTCGTAT	4380
50	TCAATACACA CCAATGCTTC AACCAATAAC AATCGAAGGA GAATTAGTTC CAAAAGCAAT	4440
	TGATGAACTG CCTGTAATAG CATTACTTTG TACACAAGCA GTTGGCACGA GTACAATTAA	4500

55

	AAACTTGTTA GGGTTTGAAT TACAACCAAC TAATGATGGA TTGATTATTC ATCCGTCAGA	4620
	ATTTAAAACA AATGCAACAG TTGATAGTTT AACTGATCAT CGAATAGGAA TGATGCTTGC	4680
5	AGTTGCTTCT CTACTTTCAA GCGAGCCTGT CAAAATCAAA CAATTTGATG CTGTAAATGT	4740
	ATCATTTCaA GGATTTTTTAC CAAAaCTAAA GCTTTTAgAA AATGAGGGAT AATATAAAAT	4800
	GGAAGATATC TATAAATTAA TAGACGATAT CAATCTACAA AAaCTAGAAA ATTTAGACTC	4860
10	TCGTGTTAAT GAAGCAATAA CTACTGACAA CGATGACGCA TTATTTATTC TAGGAGAGAC	4920
	ACTTTACAAT TTTGGATTAA TGCCaCaAGG TTTGGAAGTA TTCCGCGTGT TATATCACAa	4980
	ATATCCAGAC GAAAGTGAAT TGCTGATTTA TTTTATTGAA GGTTTAATGT CTGAAAATCA	5040
15	AACTGACGAA GCGTTAGAAT ATTTAAGTTA TGTTGAACCA TCACCTGAAA AGTTGATGTT	5100
	AGAAGCAGAT TTATATCAAC AAATTAATAT GATGGAAGTT GCTATTGATA AATTACAAGA	5160
20	AGCACTTGAA CTAGAGCCAA ATGATCCAAT AATCCATTTT GCATTGGCTG AAATGTTATA	5220
	TTATGATGGT CAATATTTAC GTGCTACCTC TGAATACGAA ACCGTTTTAG AAaCTGGTGA	5280
	ATATCAAGTT AATGGTGTAa ACTTATTCTC TCGTATGGCA GATTGTAGTT TACAAGTGG	5340
25	kAACTATAGT GATkCcGATt CgCTTATACG ATGrAATTAA TGAAGATGAA ATGACTTCAG	5400
	AAGATTATCT CAAAAGAGCC ATTTCTnACG ATAAAAATGA CATCACTCAa GAAGCAATTA	5460
	AAATAATGAC TACATTACTT TCTAAAGATC CTGATTATAT TCAAgGCTAC TTGTATTTAC	5520
30	aATCaTTATA TG	5532

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 531:

	(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
35	(A) LENGTH: 942 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
	(D) TOPOLOGY: linear

40

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 531:

	AATTGGGTTA TACTATAGGT AAATTTAAGG AGGTAAGAAA ATGGATAAAA AAGAATTAGC	60
45	GAAATTTATA GGCAATAAAA TCAGATACTA TAGAACCaAA TTGaACTTAA CTCAAGATCa	120
	ACTTGAGAA AAaCTCmACa CTAAAAArGC TACTATTTCA AATTATGAGA CAGGGTACAG	180
	AACTCCTAAA CAAGATGATT TGTTTGAAAT TGCTCATATT TTAAATATCA GTATCGATGA	240
50	TTTGTTCCT ACAAGAAATA ATAAAAAAA CGACATCACT TCCATATACA ACAAACTCAC	300
	ACCTCCCCGC CAAGAAAACG TACTTAACTA CGCAAATGAG CAATTAGATG AACAGAATAA	360

55

AACTGGTGCT GGCATAGGAG AAGAATTATA TGATGACATA TTGCATGAAG AAGTATTTTT 480
 TAAAGAAGAC GAAACGCCAT CAAATGCTGA TTTTGTATT TTAGTTAATG GTGATTCAAT 540
 5 GGAACCTATG TTAAAACAAG GAACATACGC TTTTATTAAG AAAGAAGATT CTATTAAAGA 600
 TGGTACAATT GCACTCGTTG TATTAGATGG AGTAAGTCTT ATCAAGCGTG TAGATATATG 660
 CGAAGACTAT ATTAATTTGG TATCTCTAAA TCCGAAGTAT GATGATATCA AAGTCGCTTC 720
 10 GTTTAGTAAT ATTAAAGTAA TGGGCAAAGT TGTATTGTGA TTAATAGCGC CTATATGGCA 780
 CTTTAATATA AAAGACGTCT ATTCAGCAG TGTTTAAAAG GAGTTTATAA TGAAAATAAC 840
 TAATTGCAAA ATAAAAAAG AACTATAGT ATATGAAGTT TTAAGTAGTG GTAATCAACC 900
 15 ATCACTTAT GAGTTACCTA AAGATTTATC GTCACATAAT GC 942

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 532:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 417 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 532:

TGGnAAATGC AAACCAAAT ATGATCCTCG TGcAAGTTGA AGCGGGACGT TATGAAGAAT 60
 30 GGGTAAAGAA TGGTTATTTT AAACCGTCAG AAGATAATC AAAAGAAACA TATACAATTG 120
 TTATCCCGCC ACCAAATGTA ACTGGTAAAT TACATTTAGG ACATGCATGG GATACGACTT 180
 TACAAGATAT CATTACACGT ATGAAACGTA TGCAAGGATA CGATACGTTA TACTTACCAG 240
 35 GSTATGGATCA TGCTGGTATT GCGACACAGG CAAAGGTAGA AGCTAAATTA AATGAACAAG 300
 GAATAACTAG ATATGATCTT GGTGCTGAAA AGTTTTTAGA ACAGGCATGG GATTGGAAAG 360
 40 AAGAGTATGC GTCATTTATT CGTGCGCAAT GGGCTAAATT AGGTCTAGGT TTAGATT 417

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 533:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 733 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 533:

GATCCTGAAC CCGCATTTGT TTCCACTAAA ACAGTATGCC CACTTTCTAC TAAAGCGTGC 60

ATTTTCATAC CATCCACCTC CATAATCATC TTAACGCGAA CATTTTGAAA GCGCAATCAA 180
 AAATCCACAA AATTGTAAAG GTTATTACAC TGACTTTTCC GAAAATTGTG GTAAAATATA 240
 5 ATTAAGAAAG AACAAGGAGG CACTTACTAT GATTACTTAC AAAAATATTT TAATCGCAGT 300
 TGACGGTTCA CATGAAGCGG AATGGGCATT TAACAGAGCA GTTGGTGTTG CTAAACGTAA 360
 CGATGCGAAG TTAACAATTG TGAATGTAAT TGATTCAAGA ACGTATTCTT CTTATGAAGT 420
 10 TTATGATGCT CAATTTACTG AAAAATCTAA GCATTTTGCA GAAGAATTAT TAAATGGTTA 480
 TAAAGAAGTA GCTACTAACG CTGGTGTTAA AGATGTAGAA ACGCGTCTAG AGTTTGGyTC 540
 TCyTAAATCT ATCATTCCTA AAAAGCTTGC ACATGAAATT AATGCAGACT TGATTATGAG 600
 15 TGGTACATCA GGCTTAAATG CCGTGGAAGg ATTTATTGTT GGTCTGTAT CAGAATCTAT 660
 CGTTCGTCAT GCGCCATGTG ACGTGTTAGT TGTTCTGACT GAAGAGTTAC CAGCAGACTT 720
 20 CCAACCACAA GTT 733

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 534:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 25 (A) LENGTH: 6060 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

30 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 534:

TGATGATCCT GAAGCGCTAT TGGATAATTA CAACACTGAA GATGTTGATG CACACAATTA 60
 35 CAATAATATA AATCATGTTA TTTTGCCTG CGATGCGGGT ATGGGTTCTA GTGCAATGGG 120
 TGCArGCATG TTACGTAATA AATTTAAAAA GGCGGGCATT AATGATATTA CAGTTACAAA 180
 TACTGCGATT AATCAATTGC CAAAAGATGC TCAATTAGTT ATCACTCAGA AAAAATAAC 240
 40 TGATCGTGCT ATTAAACAAA CACCAAATGC CATCCATATT TCAGTGGATA ATTCCTTAA 300
 TTCACCAAGA TATGAAGAAC TTTTAAATAA TCTAAAAAAA GATGATCAAG CATAATAATT 360
 AAATAAATTA AAAAATGGAG GATACCGCCA TGTTATTGAG TACACGTGAA AAAGAAATGA 420
 45 TAGCCctAtT GATTAAGTAC CACGGtCAAt ATATCACTAT ACACGACATT GCTCAGCAAC 480
 TTGCGGTGTC CTCTCGTACT ATTCACCGTG AATTAAAAGG TGTGAAGCA TATTTAACTT 540
 CATTTTCATT AACTTTAGAA CGCGCAAACA AAAAAGGGcT ACGCATTGCT GGCACAGATT 600
 50 CTGATTTAAA CGATTTGAAG CAATCGATTG CACAACATCA AACCATTGAC TTATCTGTTG 660
 AAGAGCAGAA AGTAATTATT ATATACGCTT TGATACAAGC CAAGGAGCCA GTTAAACAAT 720

55

EP 0 786 519 A2

	TAGAGCTTGA	TTTAAATAAG	TACCAACTAT	CTTTATCTCG	AAAGCGTGGC	GAAGGCATTT	840
	ACTTGGTAGG	TACTGAATCA	AAGAAACGTG	AATTTTAAAG	TCAATTAATG	GTGAATAACT	900
5	TAAATAGTAC	TAGCGTTTAT	TCAGTAATTG	AAAATCATTT	TGCTTTTCAT	TCATTAAATC	960
	AAATCCACAA	AGACTTTGTT	GACTTAGAGC	GCATTTTTAA	TGTTGAAAGA	CtATTaATGG	1020
	ACTACCTAAG	TGCCTTACCC	TACCAACTTA	CCGAATCAAG	TTATTTAACT	TTAACTGTCC	1080
10	ATATCGTGCT	CTCCATTTCA	CGTATAAAAA	ATGGAGAGtA	TGTCGCATTA	AACGATGATA	1140
	TTTATGATTc	TGTACAAAAC	ACATTTGAAC	ACAAAGTaGc	AAGCGAACTT	GCTGATAAAC	1200
	TTGGTCAAAT	ATATGACGTC	ACGTTTAAATC	AGGCAGAAAT	TGCTTTTCATT	ACTATCCATT	1260
15	TACGTGGAGC	TAAACGAAAA	AATCTTAATG	ATACATCATT	AAATAATCGT	TGTGAAGAAA	1320
	ACAAAATTAA	AGCGTTTGGT	AACAAAGTAG	AAATGATTTc	CGGTATGACA	TTTGCAGATT	1380
20	TGGATACTTT	AGTAGATGGA	CTGACGCTAC	ACCTTAATCC	TGCAATCAAT	CGTTTGCAAG	1440
	CTAATATCGA	GACCTATAAT	CCGTTAACAG	ACATGATTAA	GTTCAAATAT	CCAAGACTAT	1500
	TTGAAAATGT	AAGATTAGCT	TTAAATGATT	GTTGGCCTGA	TTTGATTTTT	CCAGAGAGTG	1560
25	AAATTGCTTT	TATAGTtTTA	CACTTTGGTG	GCTCGATTAA	AAACCAAGGT	AATCGATTTT	1620
	TAAACATATT	AGTCGTTTGC	AGCAGTGGTA	TGGGAAGTAG	TCGTCTATTA	TCAACTCGTC	1680
	TAGAGCAAGT	TTTTAGTGAG	ATTGAGCGTA	TTACACAAGC	ATCAGTCAGC	GATTTGAAGT	1740
30	CACTAGATTT	AAGTCAATAT	GATGGCATTa	TTTCTACTGT	GAATTTAGAC	ATCGACTCCC	1800
	CCTATTTAAC	GGTAAACCCA	TTATTACCAG	ATAGTGATAT	CAGTTATGTC	GCACAGTTTT	1860
35	TAAATACAAA	GTCTACGTTc	CAAGAGACGC	ATGATAAATC	ATCAAACATG	ATTGATAAGG	1920
	ATGATGTTCA	TGTTGAAACG	AAAGATGTTG	ATGGCAACAC	ATCTTTTGAA	AATGAACAAA	1980
	CTTCATACTT	AACCTCAGTT	TTCGAAAAAC	ATTTAAGTGA	CGAAAAATCA	GAACAATTAT	2040
40	TGCATCATAT	GCGTTCGGGT	TTAACTTTGC	TTGATTCAGT	GAAAATAGTT	AGTACCGAAG	2100
	TTAAACAGTG	GCAAACATAT	ATCGCAGATT	ATCTATATCA	ATGCGATGTA	ATAAACGATC	2160
	CAACGTCATT	CGCTGAACTA	CTAGAGCAAC	GATTGATTGA	CAATCCAGGA	TGGATATTAA	2220
45	GTCCATATCC	TGTTGCAATA	CCACACCTAA	GAGACAATAT	GATTAAACAC	CCTATGATTC	2280
	TAATCACAGT	TTTAGAAGAA	CCGTTAACAT	TGCCTAGTAT	TCAAAATGAC	AATCAAACAA	2340
	TTAAATATAT	GATTTCCATG	TTTATTTCTG	ACAATGATTT	TATGGCATCA	CTGGTAAGTG	2400
50	ACTTGTC CGA	ATTTTTAAAGT	TTGAAATTAG	AATCTATTGA	TACTTTTATG	GAAAATCCAC	2460
	AGGAACTTGA	AACATTATTA	AGAAACAAAT	TTTTAGAACG	AATTAAAAAA	CAATTTATTT	2520
55							

	TAACAGCCAA AATGAAGCAA TTGAAAAAGC AGGTAAAGCC TTAGTTGATA GTGGTGCTGT	2640
	AACAGATGCT TATATTCAAG CAATGAAAGA TCGTGAGCAA GTCGTATCAA CATTATGGG	2700
5	AAATGGCTTA GCAATTCCTC ATGGCACAGA TGAAGCTAAA ACAAATGTGA TTCACTCAGG	2760
	TTTAACATTA TTACAAATCC CTGAAGGCGT TGAAGGCGT GGCGAAGTAG TTAAAGTTGT	2820
	CGTGGGAATT GCTGGTAAAG ATGGCGAACA TTTAGACTTG TTATCTAAAA TTGCAATTAC	2880
10	ATTTAGCGAA GAAGAAAATG TGGATCGTAT CGTTCAAGCA AAATCTGCAG AAGAAATTAA	2940
	ACAAGTATTC GAGGAGGCAG ATGCATAATG AAAGCAGTTC ACTTTGGTGC TGGTAACATA	3000
15	GGTCGTGGTT TCATTGGTTA TATTCTgCAG ACAACAATGT TAAAGTAACA TTTGCAGACG	3060
	TCAATGAAGA AATCATTAAAT GCTTTAGCTC ATGATCATCA ATACGATGTT ATTTAGCTG	3120
	ATGAGTCTAA AACAACGACG CGCGTGAAtA ATGtTGATGC AATTAATTCA ATGCAACCTT	3180
20	CTGAAGCGTT GAAACAAGCA ATTCTAGAAG CTGATATTAT TACAACAGCT GTTGGTGTTA	3240
	ACATACTACC TATTATTGCT AAATCTTTTG CGCCTTTCTT AAAAGAAAAA ACAAACCATG	3300
	TTAATATTGT TGCTTGTGAG AATGCTATTA TGGCAACTGA TACATTGAAA AAAGCAGTAC	3360
25	TTGATATTAC TGGCCCTCTT GGTAACnaTA TTCATTTTGC TAACTCAGCA GTTGATAGAA	3420
	TTGTACCATT ACAAAGAAT GAAAATATAT TAGACGTTAT GGTTGAGCCA TTTTACGAAT	3480
	GGGTtGTTGA AAAAGATGCA TGGTATGGTC CAGAACTAAA CCATATTAAA TATGTTGATG	3540
30	ATTTAACACC ATATATTGAG CGTAAATTAT TAACTGTGAA TACAGGACAT GCATATTTAG	3600
	CGTATgCTGG tAAATTTGCA GGTAAAGCTA CAGTTTTAGA TGCAATTGAA GATAGTTCAA	3660
35	TTGAAGCTGG CTTACGCCGT GTTTTAGCTG AAAC TAGTCA ATATATTACT AATGAATTTG	3720
	ATTTTACTGA AGCGGAACAA GCTGGTTATG TTGAAAAAAT AATAGATCGT TTCAACAATT	3780
	CTTATTTATC TGATGAAGTA ACACGTGTG GACGAGGTAC ATTACGTAAA ATTGGCCCTA	3840
40	AAGATAGAAT TATAAAACCA TTAACATATC TTTATAATAA AGATTTAGAA CGCACTGGTT	3900
	TATTAAATAC AGCTGCATTG TTATTGAAGT ATGATGATAC AGCAGACCAA GAAACTGTTG	3960
	AGAAAAATAA TTACATTAAA GAACACGGTT TAAAAGCGTT TTTAAGTGAA TATGCTAAAG	4020
45	TTGACGATGG CTTAGCCGAT GAAATAATTG AAGCGTACAA TTCACTTTCA TAATTTATTG	4080
	AGCTTTGTTT GAAACAAGAA GTTTCCAACG TTATTCGTTA ACAATCAGTA ATAATGTAGT	4140
	AGTTCCCTTG AATTAACAAT ATTAAATTTT TGAACATAAA AAATACTCCC TTCAACATAG	4200
50	ACACTTAACT TGTGTTATGT ATGAAAGGAG TATTTTTCG TTAATAATTT GTTTTATTTT	4260
	CGAGCCACAG CCACCTATTC AATGGCTATT GGTCATTACT AAAACAAATT CATATTAAT	4320
55		

	TTGAATAAAT TTTATTCTTC AGTTTGTGG TCTTCTTAG TGAATCTTCT AATTAAGAAT	4440
	GCCATACCTG CACCTAGAGC TAATTCAGCA TATGGTAAAT CGTCATTATG TGACATACCA	4500
5	GTATCTGGTA AAGTTTtagC TTGTTGTTTA GCTTTATTAA CTTTTCCTTG TTGAGCTGAT	4560
	TTTGTCTTAG CTTGGTGGTC GTCAGTGTTA GTTACATTAA GCATATCTTG ATTAGCACTA	4620
	TTGCTTCCAT TTGAAACTGT AGCTGGAGAT GCATTGGCAC CGTCGTTTTG CGTAgyTTTA	4680
10	TTGTTTGcAG CTGAACCAAC TGATTTTtGC GTATCATtAG TATCTGCTGT TGCCGTATCA	4740
	TCTTTTtGGC TAACATTAGT TGAAGTCATT TTTTCTTTG CTTCAGAAGA TGCAGATGTT	4800
	GATGGTTTAT TCGAAACTTC AGTATCAGCT TTGCTTGGCG ATTTATCTGC TTCGTTAGAT	4860
15	GCAACGTTAG TTTCAGACTT AAGTTGTcCT GCATCAGTTT GATTtGTcGT ACTTtCTTCT	4920
	TTATCTTTTG ATGTATTAGA AGGTACATTt GGTtCTGTTA TGTCTGCTGA AGGCAATGTT	4980
20	TCAGTTGtG ATTCAACCAT ACTTTGATTt GTTGAATCAC TACCATCTTt TTCTGCCTTA	5040
	GCTTTATTTT CAGATTTTGG TTGTGCAACC TTGTcATTAG TTGATTGAGA TTCAGCACTA	5100
	TTATTACTT CAGCATTTTG TTTTGAATCA TTTACAGATG CATTATCTTt GCTATCAGCA	5160
25	GATGATGCTG CTtCTGTGCT CGCAGTTGTT GGAGCCGTTG CTGTTGATCC TGTTGGTGCA	5220
	TTCTCGTTTG TTGCTGTAGT TGTACTATTG TTATTtGTTG TGCTTtCTGC TGGCGTTGCA	5280
	TTATCAGTTT CTGTTACAGG TTTATCAGTT GTGCCGTTAT TAGTTGATTc TACTTCTGGT	5340
30	TTACTAGTTA CATCGTTATC CATTGTcGGA CTGTTTGTG ATGCATCTAC ACTAGAATTG	5400
	TTATTAGCTT GCGGTTTATC ATTTGCATCA TCAGTTGCTG ATGTTGCTGT TGTTTCACCT	5460
	GTTGCCGCAT CACTATTATT TGGTGTtGTC GGAGAAGCGT CTGCTTTGCC ATTAGCTGTC	5520
35	GTCTCAGATA CGTTAGGTTG TCCAGTATTt TCTGGTGTG CATTAGCATT TGAATTtGCT	5580
	GTTGCATCAT TATTATCTAT ACCATTATTA GTATCATTAG CATCTGGATC ATTCTGAGGC	5640
40	ACAATCGCTT CAATTGCAGG TATCGTTACA TTTTGTAAAT CAGCAACTTC TGCAATTtGTT	5700
	TGTGTTTTAT CTAATTtATC AGCAAATCTG TCAAAATATC TACCTAAATC CGTACGTGCA	5760
	ATTtCTTTcG CCGATGCATC TGCATCTGCA TTTTtAATTA TTTCTATTG CTTGTTAACC	5820
45	ACTTCTCTGA TTGCTTCCAA AGCATTTTTC TTAActTCAG GATTAAATACG TTGTGCTTTA	5880
	AGTTGTTCAA GCGCACTATT TTTGACAGTA GCGATTtCTG CATTTGTAGT TTGATCAGAA	5940
	ATATCTTCAG TTGCTTTTGA TAAATGTCT TCTAAAGCAT TCGTAAACGC TTCTTTTtCT	6000
50	TCAGTTGTAG CATCAGCGTT GACATTtACA CCTGCTTCAA TCTGGTCTAG TGCAGTTtCT	6060

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 535:

55

(A) LENGTH: 977 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 535:

```

10 AACAAAGCCT TCCAATTATC TGCCTCGGTA GAACAAAGTAT TAGCAACTTT ATCACCTACG      60
   CTAAACAGTC CTTACGATTT ATACGGCAGC ACAAAAATGC TAGATATTAC ATTCGATTCA      120
   TTTGAACATG ATGGTACAAC GTACCCTGTC GACTATGCTA CGTTTGAAAA TGATTATGAA      180
15 GATAATAAAG ATCCTGAGTT TAGACGTAAA AGTTTCAAAT CGTTTAGCGA TGGGATTCGA      240
   AAATATCAGC ATACTACCGC GGCTACATAT AATATGCAAG TACAACAAGA AAAAATTGAA      300
   GCTGATTTAC GTGGATTTGA ATCAGTCATC GATTATTTAT TACATAGTCA AGAAGTAACG      360
20 CGTGATATGT TTGACCGTCA AATCGATATG ATTATGCGTG ACTTGGCACC AGTTATGCAG      420
   AAATATGCTA AACTTTTACA ACGTATTCAC GGATTAGATA ACATGCGTTT TGAAGACTTG      480
   AAGATTTCCTG TAGACCCTGA TTATGAACCA GAGATTTCAA TTGAAGACTC AAAAAATTAT      540
25 ATTTTCGGTG CGTTAAGTGT TTAGGTGAT GACTATACAA ACATGTTACG TGAAGCATAC      600
   GATCAGCGAT GGaTTGATTT TGCACAAAAT AAAGGTAAAG ATACAGGCGC ATTTTGTGCA      660
30 AGTCCATACT TTACACATTC ATATGTGTTT ATTTCTTGGA CTGGTAAAAT GGCTGAAGCA      720
   TTTGTCTTAG CACATGAATT AGGTCATGCA GGTCATTTTA CATTAGCTCA AAAACATCAA      780
   CCATATCTTG AATCAGAAGC ATCAATGTAC TTTGTTGAAG CCCCTTCTAC AATGAATGAA      840
35 ATGTTGATGG CCAATTATTT ATTTAACACA AGTGATAATC CAAGATTTAA GCGTtGGGTT      900
   ATTGGCTCAA TTTTATCTAG AACATATTAT CATAATATGG tACCCmTTTA TTAGAAGCnG      960
   CTTATCCACG GGGAGTG      977

```

40

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 536:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1440 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

45

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 536:

50

```

AGACAGTGAT yGaATTTTCAT TTACAGTACA CAAATCATCG AAAAATTGGT AACATTCTTC      60
TCTATTTTCT AACGTTAgwA TTgCATCAAA CAATTCATCT AACGCTGCAC CTCGTAATTT      120

```

55

AATCTATTAA AGTGTAGCGa TTTATATTTT ATTAAATCTG AATCGTTACT TTATTTAATT 240
 TTATGCTAAT CCAGCGCGTT CGAAAATAGT GTCAACTTGa TTCAAATGAT GTTTAGGATC 300
 5 GAAACATTCA TCCAATTCTT CTTTGTAA AACACTTGTA ATAGACTCAT CTTGTTTCGAT 360
 TAATTCACGG AACGGTGTTC TCGTTTCCCA AGATATCATC GCTTTTGGTT GTACTTTGTC 420
 GTATGCTTCT TCACGAACCA TACCTTTATT AATTAATGCT AATAAGACAC GTTGTGAGAA 480
 10 AATCAGACCA AATGTTTTAT CTATGTTATT ACGCATATTA TCTTCAAATA CAGTTAAACG 540
 GTCCACAATA TTTGTGAACG ATTCAATGCA TAATCTAGTG CtATTGTAAC ATCTGGTAAC 600
 ATAATACGCT CAGCAGAAGA ATGAGAAATA TsTCTTTCAT GCCATAATGG CACATTCTCA 660
 15 TAAGCTGTAG TAATATAACC ACGAATGACT CTTGAAATAC CTGTGATATT TTCAGAACCA 720
 ATTGGATTTC GTTTATGAGG CATTGCAGAT GAACCTTTTT GGCCTTTTGC AAATGCTTCT 780
 20 TCAACTTCTC TCGTTTCGGT TTTTGAAGG TTACGTATTT CAACGGCAAA TTTTCTAGT 840
 GATGTCGCGA TTAATGCTAA TGTCGCAATA TAGTATGCAT GTCGATCGCG TTGCAATGTT 900
 TCGTTGATA CAGGCGCTGT GCCAATACCT AAATGTTTAC ACACATAACT TTCTATTCA 960
 25 GGAGGAATGT TAGCAAAAGT ACCTACTGCA CCACTCATTT TCCCTACTTC AATTTCTTCT 1020
 CTTACTTGTT TGAAACGTTG TAAGTTACGT TGCATTTCCG TGTACCACAA TGCCATTTTG 1080
 ACACCAAATG TAGTTGGTTC TGCATGCACT CCATGTGTAC GTCCCATCAT CAATGTATAT 1140
 30 TTATAATTTT TTGCTTTTTT AGCTAAAACG TCGATAAATC TTTCTAAATC TTTTCAATA 1200
 ATGTCATTIG CTGTTTAAT AACGAACTT AAAGCTGTAT CTACAACATC AGTAGAAGTT 1260
 AAACCATAAT GTACcACTTA CGTCTTCAC CTAGCGTTTC AGAACTTGT CTAGTAAAGG 1320
 35 CTACAACATC ATGGCGCGTT TCTGTTCAA TTTCTGTGC ACGTTCGACA TTTACCTTG 1380
 CGTTTTGACG AATTTTTTGT ACGTCAGCTT TCGGTATATG TCCTAATTCA CTCCATGCTT 1440

40 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 537:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 784 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 45 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 537:

50 GATAAATCTA ThCAGTTTCC GTCCAAATAT CtGCacCTAA AGCTTTTaaG TGTTCACAA 60
 TAICTgTATA ACCTCTATAA ATATGTTTAA CATTGTAAAT TGTAGTTACA CCCTCAGCAA 120

55

CATGTAATGT TGATGGTTTT ATCGTTGCTG TGCCTTCGTC AACTTCAATA TTTGCACCCA 240
 TGCGCTTTAA TTCTTCAACA TGTTTAAAAC GCTCCGGATA AATCGTATCA GTTACAAATG 300
 5 AAGGACCATT TGCCATAAAT AATAATGGTG TAATAGGCTG TTGCAAATCA GTAGCAAAAC 360
 CTGGATATAC TAGTGTTTTA ATATCAACAA ATTGATATGG CGCATTATTA TTGATGCGAA 420
 10 TTCTTTCGTC TCTTACATCA ACATTCACAC CTAATTCACT AAATTTAGCA GTTAATGTTT 480
 CTACATGTTT CGGAACAATA TTATTTAATA TAACATTTTC TCCACATGCT GCAGCGATAC 540
 ACATATATGT GCCTGCTTCA ATTCTATCAG GTATAACTTG ATACTCAGAA CCATGTAATT 600
 15 CTTTGACGCC ATTGATTTTA ATTGTTGATG TACCCGCTCC CTTAATATTA GCTCCCATAC 660
 TTGTTAAGAA GTTAGCAACA TCAACTACTT CCGGTTCTTT AGCAGCATT TCAATTACAG 720
 TTTGTCTGT TGCATAAACT GCAGCTAGCA TAATGtnAAT TGTTCACCT ACGCnAACCA 780
 20 TATC 784

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 538:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 25 (A) LENGTH: 3733 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

30 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 538:

CAATCTCCAC CAATGACACG TCGTCATTCG TGACCTCATA CCArACAAAA AACAGTCTCG 60
 CAATCAAGAC TGTTTTCCAC TCAATATATT CATCCATTAG CGTAATAGAT TATTTGACTT 120
 35 CTGTAGCTAC AAAGaTTTTA CGTTTTTCCC AAACGCCTGT cTTTTcATTG TAATCATCAC 180
 AAGTAATTAA TGTTAATTGT TTATCTTTAC CTTTTTGTTT ATCTAGAACT CCTACATCTG 240
 40 TAGGCTTAAC ATCTCTTATA CTGTGCATTT TATACTTACG TGTTTCATTA CCAACTTTAA 300
 AGTACACCAT ACTACCTTTT TTGGCTGCTT TAAGATTTGT AAATTGATAG TTCGGACGGT 360
 CAATGAAAGT GTGTCCTGCA ATTGAAATAT TTTGATCATC TAGTGATTCA TTTTCTTCTG 420
 45 CAAAGCTTAC ACCTCTATTT AATTGTTTCTG GTGTTGCTGG TCCTGGATAT ACTGGTTCTT 480
 TAATATCAGC ATCTGGAATT TCAATATAGC CTGCCACTTT CGATTTATCT TTCGGAATTT 540
 GAGGTTTAGC TTGCTGCTTT TTATCTTTAC TCGCCTGTTT TTTTACATTT TTATCATATT 600
 50 GTTCAATCTT TTCATCTTTA TCTTTATCGT GAAGATAATT ATCGATATGT GGTTTAGCAA 660
 ACAAATATGC TGCCACTAGG aTAAGTACCA CACCAGCGAT TGTCAATTAAT CGATTTGTCC 720

55

	AGTATACCAT TAATTTCAAA ATGACTCATA GCAATTCAAT TTATACTATA AAATTTACAT	840
	GTATACTTTT ACGTTAGATT TCATTACACA TATTTGCATT CAAATAACGA AACGCTTTTA	900
5	ATAATTACTA AGGGGGAATT GATATGATTA GATACGCTAA AAAAGAGGAT TTAAACGCTA	960
	TATTAGCGAT ATACAATGAT GCCATTATCA ATACTACAGC TGTTTATACT TATGAACCAC	1020
	AAACCATAGA CGAACGTGTC GCATGGTTTG AAACGAAACA ACGTAAGCAT GAGCCTATCT	1080
10	TTGTATTTGA GGAAAATGGA AGTGTCTTAG GGTTCGGAC GTTCGGTTCA TTAGACCTT	1140
	GGCCAGCATA CCTATATACA ATCGAACATT CTATTTATGT CGATGCTTCA GCTAGAGGAA	1200
15	AAGGTATTGC TAGTCAATTA CTACACCATT TAATTGTGGA AGCAAAAGCT AAAGGTTATC	1260
	GTGCGCTAGT TGCAGGCATT GATGCTTCCA ACAAAGCGAG TATTCAGTTG CATCAAAAGT	1320
	TTGCTTTTAA GCATGCCGGC ACACTGACCA ATGTAGGTTT TAAATTTAAT AGATGGTTAG	1380
20	ATTTAGCATT TTACGAATTA GATTTACAAG ACTAGTAATG TTTGAATCAC ATAATATAAA	1440
	CAAGACAACC ATGTTAATTC CCTTAACATA ACAAGCCAAC ATATAAAATT TTAAACTTCT	1500
	CAGGGGAGTG GGACAGAAAT GATAAAGAGC CACTAATGAT TTATTATGTA GTGGTTCTTA	1560
25	CACATTAGCC ACAGCTAATG TGTACTTAAA AATAGGAATA CATGAGTAAA ACTCATGCAT	1620
	AAGAAATACT AATTTCTATA GAAAAAGTAT TTCTTTATCG TCGTCCCACC CCAACTCGCA	1680
	CATTATTGTA AGCTGACTTT TCGTCAgCTT cTGTGTGGG GCCCAAAAAG CTGTGTACAA	1740
30	GCGCATTTTC GTTCAGTCAA CTACTGCCAA TATAACTTTG TAGAGCATAT TACATTGATT	1800
	TACATTGTCC CTTTTATTTA TTCTTTTCAA ATACTATCCC CATAGCTTTG ATTTAACGCT	1860
35	TTTTCTCAAT AACAAAACGA ATATAGTAGA ACATGAAAAC GATAATCATG CTGAGCGATA	1920
	AAGATTTAAA TAATAGATTG ACCCACGTTT CCTCAGTCGT ATATCCATAT GTAATCGTTG	1980
	TGTTAATGAT GAATGCTATA AAGATGATTG ATAGTCTTAG CATATCATCA CTCCTTTTAA	2040
40	GTTATTTTAG ATATACGGGG GCGCTTTTGC AATCACTATT TTGATTAGTA TGCATTTTCC	2100
	ATAAATCTTT CAACTTCTTC AGAGATAAAT AAGAAGCATC TATCTGGTAC TAATGATCCA	2160
	GACAGATGCT TCTTTTTTAT CAATATTTTA TTGTTATCTC ATTAATTATT TTTAACCATA	2220
45	TCTTCAGCTG TGCCAAAGAT TTTACGTTTA ATTGCTTCGC CAGTTGGTGT GCCTGCTAGT	2280
	CCACCAATC CAGTTTCACG TAATGATGCA GGAAGGTTAC GACCAACCTT ATCCATTGCT	2340
	TCAATAACTT CATCAACAGG GATTCTACTT TCAATACCTG CTAATGCTAA ATCTGCTGAA	2400
50	ATTAAAGCGT TACCCGAACC AATTGCATTT CTCATAACAC AAGGAATTTT AACAAGTCCG	2460
	GCTACTGGAT CACAAACTAA ACCTAATAAA TTACTTATCG CTAATGCCAT AGCGTGCCCG	2520

55

	GAACCAACTT CAGnTTGGCA GCCACCTGTT GCACCAGCTA CACTTGCAAT GTTTGCTACG	2640
	ACACGCCCCA ACAATGCTGA AGTGAATAAG AAATCAATCA TTTGCTCTTC TGTTAAATCA	2700
5	TGTGTTTTTT CTAATTTAAA AAGTGCACCG GGAATGGTAC CCGAGGAACC AGCTGTTGGC	2760
	GtGCACAAA TAATACCCAT CGCAGCATTG ACTTCATTTG TTGCAATGGC AcCtTTGcTG	2820
	CGTCAATCAT TTCATATCCA GACAAAGCAT GATGTGTTTC ATTATAATCA CGTAGTTTAG	2880
10	CAGCATCATG ACCAGTGTAG CCCGTTACAC TTTCAACCCC ATCACCTGTC GTCCCTTTGA	2940
	TTACTGCGTC TCGCATGACA TCTAAATTTT GTTTCATTTG CGCTCGCACT TCATCACGTG	3000
	ATTTACCGCT TAATCCATT TCTTCTTTAA CCATGATATC CGCAAATGAC ATATTATTTT	3060
15	CTACGGCATA ATCTATAGTC TCTCTAATTG AATCAAACAT GTTTATTCCC CCTCTAATTT	3120
	ATATAGGAAA CGTTACGTC ACTGTATTTT TCTTTAATTG TATTTAATGT TGATTCTGAG	3180
20	ATTGCTTTAT TTAATGGTAT TACAACCAAG CATTTATCTT CATCTATCTT AATAAATTCA	3240
	TCTTTACAGT CTAATTTTAT ATCGTTGATA TCATTGATGA AATGATTTAC TTGTGCTTTA	3300
	GTCATATTTT CGTCAACAAC TAAAATTGGT AATCCATGAT TTAAATCTAC TTCTAGTCCA	3360
25	TTTATATGAA TACCTTTAAT TTTAATTGTA CCACCACCGA TTGAAATACC GATAATTTCA	3420
	ATGTAGCGAC CATCATTACG AGATGATTTG ATATAAGCAC AGTTTGGATG TTGACCAATA	3480
	CTATCGCCTT CTCTTCGAT GATATCTATT TTAATACCAT CATCAGCTGC AATTTCTAAT	3540
30	GAAGATTTAA TTCGGTTATC AAATGTTGAA TATCCCATTG CTCCACCCAC AATAGCGACA	3600
	TCTGTACCAT GTCCTTGGTG TGTTTGAGCA AATGATTCAT AATAATGTAT TTCAATATTT	3660
	TTATATCTCC CAATATTGCG CGTGCTGAAT TCCCCTTTAC TGCACCAGCC GTATGAGAAC	3720
35	TTGAAGGGCC CAT	3733

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 539:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 525 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 539:

	TGGCTGTCTT CTCTATGAGT GTAGTAAGTA AGTTAACGGA TTTAACGCCA AGGCAAATAC	60
50	GTTACTATGA AACACATGAA CTCATCAAAC CTGAAAGAAC AGAAGGTCAA AAACGTCTGT	120
	TCTCACTCAA TGATTTGGAA AGATTACTAG AAATTAAATC ATTATTAGAA AAAGGATTTA	180

AAGAGATAAG AAAAAAGATG ATTGTAGATG CCACGCCAAA GCCTATTGGA GARACTTTGC 300
 CAATAAATCG TGGTGATTTA TCCCGATTTA TTAAATAAAA TTTGGAGGAT TTTAAAATGC 360
 5 CAAAACGTAC TTTCATAAA GACGACATTC GTAAATTGTC AGAaGAGGAA AaTGTAaGaT 420
 ATTTAAGATT ACAATTCAC T GATATTTTAG GAACAATTAA AAATGTTGAA GTGCCTGTAA 480
 10 GCCAATTAGA AAAAGTACTT GATAACGAAA TGATGTTTGA CCGTA 525

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 540:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1408 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 540:

TTGATTTGCT ACAAAGTATC TnCTCATTTC TGTATCCTGA AAAATCTTTA GTGTAATAAT 60
 GTTGTTCACT TTTAATATTT TCAGTCATAG TTGACTACCT CCGTATATTT TGATTTAATT 120
 25 AAGTTGTATA TTTTGATGAA CACTTATTGT TACTTGTGG CGCAAGTAGC AGTTTTTTCA 180
 TTCTTCATAA AAGTATTCCT TATAGAATAT GAATGTTGCG ATACTTGCGA ATCCTGCAAT 240
 TGaCCATGCT GtAGTGAAGT ATAGAAACGG CATAAGTACA ATCGCTAAGA CTGTGAAGCA 300
 30 TAGTACTGCT ACTAGGTAGC TTTTATAAAT GTTACTCATT TTCTTTTTTC AACTCCTCCA 360
 TTATTCTCTG GTCTGATAAG TCGTGATAAG GGAATTTTTT CCGAGCTAAT TGGACTGGTA 420
 TTCTGCCTCG TATCGCAATG TATCCTTCAT CTTCAAGCTC TTTATTCAGT TCTCTTATTA 480
 35 TTTGTCCTGC TTTGGATTTA GAAACAGATA AAATTACCgC AAGTTCTTTA GCTTGCAAAC 540
 TATTTTTTCAT CATATCTTTT CCTCCTTTAA AATAACTGTT GATTCTCTGG GTTATCTGCT 600
 40 TCGTAATTAT CTGCAATAAT ACTTTTAGCG AAAAAGTCCA AACTGACCTT ATATAGGTTG 660
 TTCATAGATT TCTTTACGTT AACCCCTTCC TCAAGTACAT AAGGCACCCCT AAAATCATT 720
 ATAAACAGTC CGTTTTTCGTC TAAAGTAACG GTTGTAATT CAGGTTTGTT CCGTCTATAA 780
 45 ACTTCTCCTA GTGTAGGTTT TTGCTTTTCA GCTTGTTTAG TGAAGTCGGA AAATGCCTTA 840
 AGTAGTTTTA TTCCTGAATC AGGATCACTG TGTCGCTCAA TCGTTTCTGC TGTAGACTCT 900
 TTACTAAAAT CATTTCTATT GATTACAGGC TTTCTCGTAT TTCGTTCAAT CTTCCAAACC 960
 50 TTCCACGTCA CAACTGCCAT TGTGGTGAGG AGGGTTGTTT TGTATAGTGC GTTCATTGT 1020
 AATTCCTCCT ATTAAGTTGT TTGTTCAATT GTGTGTGTTA TTCTTCTTCG TCTAAATCAA 1080

CGACTTCGTA AGTGTGCTCA ATCTCGCCTG CATATGTCAC AGTAAGAGTA TCTTTGTGTG 1200
 TGTATGTTTG ACTTTTGTTY TCTtTAACTG CATAAAGTGT TAATACTATA TTGTTTAGCT 1260
 5 TTyCTTTTTG TTCTGGTGTC ATTTACGCTC CCCCTAmATT AGCyTCATAA CCGAATTTCAG 1320
 TCATGATTTC ATGTATTTTC AATCTGCCTT TTTGTGTCCA TCTAGTTTGT AAAACTGTGT 1380
 CTTCTCTGCC ATCAGAACGC ACAATTGT 1408

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 541:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 432 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 541:

GTTTCGTCAAT GATTTTTATC CGATGCTATG AGCATTaTCA AATACAAAAT GCTCTCTTAA 60
 AAGCAGTTAT TGA CTGAAAA TCTACTTCTA AGAGAGCACT TTATTTAATT ACTTAAGAAA 120
 25 TCTTGAAATT TCAATATACG ATGTTTATGA TAAGTCGCTT ATTTTCATCTT TAGGCTTGTT 180
 ATTAGTAAGT AGTTTAATAC CACTGATTAA CCATAAGCA AATGTAATTA TGTTACCACT 240
 TATTACAGCT CCAATAATCA ACAATATACC ACTCATTTTTT TTGTTTTTAG ATGCTTTAAA 300
 30 CATACCGATT GCACCTAAAA TAATTGAAAT GATTCCAAAT ATGAATAGGG ATAAGAATAA 360
 TACAGTGAAT ATTGCTGCTG CTGTTTCTGc ATCAACTGGG nCAACCTCAC CATTAAGTGT 420
 TGTGGACAC AT 432

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 542:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2426 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 542:

ATAATCATGA AGTnGCTAAA nCGCCAAATA ATGATGGTTC TGGACATGTT GTGTAAATA 60
 AATTCCTTTC AAATGAAGAG AATCAAAGCC ATAGTAATCG ACTCACTGAT AAATTACaG 120
 50 GAAGCGATAA AATTAATCAT GCTATGATTG AAAAATTAGC TAAAAGTAAT GCCTCAACGC 180
 AACATTACAC ATATCATAAA CTGAATACGT TACAATCTTT AGATCAACGT ATTGCAAATA 240

	GTATAAAAAG TCAACGAAAT ATTATTTTGG AAGAACTTGC ACGTACTGAT GATAAAAAGT	360
	ATGCTACACA AAGCATTTTA GAAAGTATAT TTAATAAAGA CGAGGCAGTT AAAATTCTAA	420
5	AAGATATACG TGTGTGATGGT AAAACAGATC AACAAATTGC AGATCAAATT ACTCGTCATA	480
	TTGATCAATT ATCTCTGACA ACGAGTGTATG ATTTATTAAC GTCATTGATT GATCAATCAC	540
10	AAGATAAGTC GCTATTGATT TCTCAAATTT TACAAACGAA ATTAGGAAAA GCTGAAGCAG	600
	ATAAATTGGC TAAAGATTGG ACGAATAAAG GATTATCAAA TCGCCAAATC GTTGACCAAT	660
	TGAAGAAACA TTTTGCATCA ACTGGCGACA CGTCTTCAGA TGATATATTA AAAGCAATTT	720
15	TGAATAATGC CAAAGATAAA AAACAAGCAA TTGAAACGAT TTTAGCAACA CGTATAGAAA	780
	GACAAAAGGC AAAATTACTG GCAGATTTAA TTAATAAAT AGAACAGAT CAAAATAAAA	840
	TTTTTAATTT AGTTAAATCG GCATTGAATG GTAAAGCGGA TGATTTATTG AATTTACAAA	900
20	AGAGACTCAA TCAAACGAAA AAAGATATAG ATTATATTTT ATCACCAATA GTAAATCGTC	960
	CAAGTTTACT AGATCGATTG AATAAAAATG GGAAAACGAC AGATTTAAAT AAGTTAGCAA	1020
	ATTTAATGAA TCAAGGATCA GATTTATTAG ACAGTATTCC AGATATACCC ACACCAAAGC	1080
25	CAGAAAaCGt TAACACTTGG TAAAGGTAAT GGATTGTAA GTGGATTATT AAATGCTGAT	1140
	GGTAATGTAT CTTTGCCTAA AGCGGGGGAA ACGATAAAAG AACATTGGTT GCCGATATCT	1200
30	GTAATTGTTG GTGCAATGGG TGTACTAATG ATTTGGTTAT CACGACGCAA TAAGTTGAAA	1260
	AATAAAGCAT AATTATATTG GGGGAAGAGC ATCTATATAT TTTTTTAAGT ATATAAGACG	1320
	TCTTATTTCC CCTTAATTTA TTGTGAAGTA TATGCAAAAT GCAATGAATA GATTGTCCAT	1380
35	CATTTTAACG TTATAATGAA TTAAACGACT TAGAACTACA CAAGTAAAGG AGAATGAAGA	1440
	TGTCTCGAAA AACGGCGCTA TTAGTTTTGG ATATGCAAGA AGGTATAGCG AGTAGTGTAC	1500
	CTAGAATAAA AAATATTATT AAAGCGAATC AGAGAGCAAT TGAAGCAGCA AGACAACATC	1560
40	GAATACCACT CATTTTCATA CGTTTAGTGT TAGATAAGCA TTTTAATGAT GTCTCCTCGA	1620
	GTAATAAAGT GTTTTCAACA ATTAAAGCTC AAGGATATGC GATTACTGAA GCAGATGCAT	1680
	CTACACGAAT ACTTGAAGAT TTAGCACCAC TAGAAGATGA GCCGATTATT TCTAAGCGAC	1740
45	GCTTTAGCGC ATTTACAGGT AGTTACTTGG AAGTTTATTT ACGTGCAAAT GATATTAATC	1800
	ATTTAGTATT AACGGGTGTC TCTACAAGTG GAGCTGTATT GAGCACGGCA TTAGAAAGTG	1860
	TAGATAAAGA CTATTATATT ACTGTTTTAG AAGATGCTGT TGGTGATAGA TCAGATGATA	1920
50	AACATGACTT TATTATTGAA CAAATTTTAT CACGCTCATG TGACATTGAA TCCGTAGAGT	1980
	CATGAAAAG TAGTTTATAG TTAATATAAC GTCAATTAAA GCTCGGCAGT AATGTTTGAG	2040

55

GAGGAACATT TGAACATAAA ATAATATATT TATATAAAAC GACCgAGGCG TTCGAAC TGA 2160
 ATGtCCTCGG GTTTAATTGA ATAGAAATCG GACTTATGAA CGAAATATGT TTAAGTCGAA 2220
 5 CTCCTTGTTT ATACTTATAA ATTTTACGGG TTTAATATAA TACTTATTTA CCTGTAATAT 2280
 ATGCATAATT nCTTCAGTCG GTCAGCCTGT CGTTGCATAG TTCCTATGCA GCAAATGCAT 2340
 ATCCTAATCC TTTAACATTG GCATTnCTGC AAATGAACGC ATAGAATCCA TTCACTGTTA 2400
 10 ACTTTTnCA ACAAATGTCT nCATG 2426

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 543:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1874 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 543:

GAGTTGGGGA ATGTGCTCAA AATATGCGGA CTTTATGCAT TyCGGAATTG sCCaATTGCA 60
 25 GCTTTAAGCT ATGGTCAAAA AAAGAGGGTC ACTATAGCAT CTGTTTTAGT CTTAAATCCG 120
 GAAATAATCA TATTGGATGA ACCGACTGCT GGTCAAGATT TCTATCATTA TAATGAGATA 180
 ATGTCATTTT TAATTGAACT AAACAGACAG GGAAGACGA TTATTATGAT TACGCATGAT 240
 30 ATGCATTTAT TGTCTGAGTA TAGTTCAAGA ACAGTTGTAT TATCAAAAGG TCAAGTCGTT 300
 GCTGATACCA CGCCgTATT GGTTTTAAAT GATAAAAAAA TCTGTGAGAT TGCATCATTG 360
 AGACAAACAT CGCTATTTGA AATGGCCGAA TATATAGGGA TTAGCGAGCC ACAGAAATTA 420
 35 GTACAATTAT TTATTAACCA TGATAGGAAG GTGAGACGcC AATGAATCAA TATAATACTA 480
 TAGGTTTTCA CCCGGGAAAT AGTCGTATTC ATCAATTAAA TGCGACTGTT AAACTTTTAT 540
 40 TCTTATTAGT TGTTTCTATT TCTGCAATGG TGACTTATGA CACAAGATAT TTAATTTTAA 600
 TTAGTGCTTC ATCTATTTTA TTGGTCAAAT ATGCTCATAT TGAATGGAAA CAAGTTCGCT 660
 TTGTTGTTAA ATTCATTCTG TTTTTCACAA TactAAATAT TATTGCCGTG TACATAFTTG 720
 45 ACCCTGAATA TGGTGTGAAG ATTTATAATC AGCGTACAGA GTTAGTCAAT GGTATTGGTC 780
 GATTACGCT AACATCACAG GAATTATTCT ATCTTTTTTAA TCTAATATTA AAATATATTA 840
 GTACAGTTCC TTTAGCGTTA ATATTTTTAT TCACAACGAA TCCGAGTCAT TTTGCTGCAA 900
 50 GTTTAAATCA GCTAGGTGTG AATTATAAAA TCAGTTACGC AGTCTCACTA GCATTAAGGT 960
 ATATTCCAGA TATTCAAGAA ACATATTtca ATATTTTACA AGCGCAACAA GCAAGAGGAT 1020

TACCTTTAAT ATTTTCTAGT ATCGAAAGAA TTGACACTAT TAGTACTGCT ATGGAGTTAA 1140
 GACAATTCGG ACAGTATAAA AGGAGAACCT GGTACGTCAA AAAACAATTA AAAAAAGATG 1200
 5 ATTATGTTGT TTTGTGTTTG ACGTTAATAC TTCTGATGTT AGTAGTTACA TTATTCTTTT 1260
 TAAATAATAG TCGATATTTT AACCCGTGGC ATTAGTATTC ATATAAATAG TCTTTAAATA 1320

AAATAGGAG GGAGACATTT AATGATAAAT ACTGAAAGAT TAAATTTAAT GATTCCAAGT 1380
 CCTCGCATT TAATTGAACT TTATAATATT TGTAGTCATC CACAAGCAAA TATATACACT 1440
 CCAAAGGTT TACATAATTC CAAATTAGAC ACACAACGGT GGATTGAAAA ATGGCGAAAC 1500
 ATTGGCAAC AATATCAATT TGGTTACTTT GTATTGGTAA AAAAAATAGA TTGTAGTGTT 1560
 TTGGTATTT GTGGATATGA ATATCGACAA TTAAAGCAAG AaACAGTATT AAATTTATTT 1620
 ATAAATTAC ATCCAAGTTT TGAAGGACAA GGGTACGCAT GTGAGGCTAT TACAGCAATC 1680
 CAAATTTTG TGAATTATAT CGATCAAGAA ACAGTAAAAG TTATCAGGAC AAATAAGTGT 1740
 ACCAACGTT CAATAAATTT AGCAGAAAGG CTAAATTCA AGCGAGACGA TACTATGGAC 1800
 ACATTATCA ATCAAGGAGA TATTGTGTTT TAANAATAAA ATACTATGAC ATTATCTAAA 1860
 AATAAAATT AAAA 1874

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 544:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 5280 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 544:

CAACATTTT TAACACCAAT GTGAAAATGA TCTATGTGAT TTGCAATGGC TTGATTGTGA 60
 ATATGTGTGC CTAAATGACC TGTAGCACCT GTTAACATAA TATTCATTCA CTTCATCTCC 120
 AATCTTTAT ATACATAACA TAATACTTAT TTGATGGTTT TCAAAACATT TGATTTTATA 180
 AAAATTCTA ATCTGTATTT ATTGTGACG TGTATAGTAA ATACGTAAAT ATTATTAATG 240
 TGAAAATGC CGTAATGACG CGTTTTAGTT GATGTGTATC ACTAATATCA TTGAAAATTT 300
 AATCaGGTA CTACGACAAT ATGATGTCTG TTTTGTGTCT GAAAGTTTTA CAGTTTTTAA 360
 ATAAAAATG GTATAAAGTG TGATTTGTAT AAAAAAGAGT CTCGACGGAT AAGAATTGAT 420
 AATAACAGT TAGCATTTTA TTAATTACCT TAACAATGAT TCAAGTTTAG TTAAATGAGG 480
 TTAATTTGA AAGGGGATAG CGCCTCAATA TAATGTAGGT AGATTGTTCA TATTACGTAA 540

	AAGCAAGTTT AGCATTGGGA ATGTTAGCAA CAGGTGTAAT TACaTCGAAT GTACAATCAG	660
	TACAAGCGAA aGCAGrAGTT AAaCAACAAa GTGAaTCAGA GTTAAACAC TATTATAATA	720
5	AmCCAATTTT AGAGCGTAAA AATGTGACTG GATTTAAATA TACTGATGAG GGTAAACACT	780
	ATTTAGAAGT CACAGTAGGG CAACAGCATT CTCGAATCAC TTTACTTGGA TCTGATAAAG	840
	ATAAATTTAA AGACGGAGAA AACTCAAATA TAGATGTGTT TATCCTTAGA GAAGGTGACA	900
10	GTAGACAAGC AACAAATTAC TCAATTGGTG GCGTTACAAA ATCAAATAGT GTGCAGTATA	960
	TTGATTATAT CAATACGCCA ATTTTAGAAA TCAAGAAAGA TAATGAAGAT GTACTTAAAG	1020
	ATTTTTACTA CATTTCAAAA GAAGACATCT CATTAAAGA ACTTGATTAT AGATTAAGAG	1080
15	AACGTGCGAT TAAACAACAC GGCTTGTATT CAAATGGTCT TAAACAAGGT CAAATTACAA	1140
	TTACAATGAA TGATGGCACA ACACATACAA TCGATTTAAG TCAAAAACCT GAAAAAGAAC	1200
20	GTATGGGTGA GTCAATCGAC GGCCTAAGA TTAATAAAAT TCTAGTAGAA ATGAAATAAT	1260
	ACTTTCTAAC AACAAAGCGC TATGTTGAAT AGTGCTTGTT ATGGAAATAT ATGGAAGTTA	1320
	AGCGACGTAC TGTGCTTAG CTTCCTTTTT TGAGGGGAAA AGTTACAAAA CTCACACAAA	1380
25	CAGTCGCACC ACGCATTATC TTTTGCTTAA ATAGCTTAAT CATATTTTAT GAATAGTTAA	1440
	AAACAGGTTA ATGTGAATAT CCGAATACAG CTCCTATAAT ATGGGTGTAT GATTCAAATT	1500
	ACGTAATAAA ACAATCTAAT TATAATAGAT TGGAGCATAC AACTATGAAA ATGAAAAATA	1560
30	TTGCAAAAAT AAGTTTGTTA TTAGGAATAT TAGCAACAGG TGTAACACT ACAACGGAAA	1620
	AACCAGTTCA TGCCGAAAAG AAACCTATTG TAATAAGTGa AAATAGCAAA AAATTAAAG	1680
35	CTTATTATAA TCAACCTAGT ATTGAATATA AAAATGTGAC AGGTTATATC AGTTTCATTC	1740
	AACCAAGTAT TAAATTTATG AATATCATAG ATGGTAATTC TGTTAATAAT ATTGCTTTAA	1800
	TTGGCAAAGA TAAGCAACAT TATCATACGG GTGTACATCG TAATCTTAAT ATATTTTACG	1860
40	TTAATGAGGA TAAGAGATTT GAAGGTGCAA AGTACTCTAT TGGGGGTATC ACGAGTGCAA	1920
	ACGrTaAAGC TGTCGACCTA ATAGCAGAAG CAAGAGTTAT TAAAGAAGAT CATACTGGTG	1980
	AATATGATTA TGACTTTTTT CCATTTAAAA TAGATAAAGA AGCGATGTCA TTGAAAGAGA	2040
45	TTGATTTTAA ATTAAGAAAA TACCTTATTG ATAATTATGG TCTTTACGGT GAAATGAGTA	2100
	CAGGAAAAAT TACAGTCAAA AAGAAATACT ATGGAAAGTA TACATTGAA TTGGATAAAA	2160
50	AGTTACAAGA AGACCGTATG TCCGATGTTA TCAATGTCAC AGATATTGAT AGAATTGAAA	2220
	TCAAAGTTAT AAAAGCATAA CACATATACT TGATGACGAA ATAAGTTGAA ATTGAAATAG	2280
	AGAGGTTAAG TGACGATCAA ACGTTGCTTA ACTTCTTTTT AATGCTTAAA AATTATTTCA	2340

55

	TTAATAATAC TTCAATAATT GTTAAAAGGG GTTTAATGTG ATTATCTTAG AACGCCATCT	2460
	ATAATGATGT TGTATGATTC AAATTACGTA AAAAGACAAT CGAATATAAT ATAGATTGGA	2520
5	GCATACAATT ATGAAAATGA GAACAATTGC TAAAACCAGT TTAGCACTAG GGCTTTTAAAC	2580
	AACAGGCGCA ATTACAGTAA CGACGCAATC GGTCAAAGCA GAAAAAATAC AATCAACTAA	2640
10	AGTTGACAAA GTACCAACGC TTAAAGCAGA GCGaTTAGCA ATGATAAACA TAACAGCAGG	2700
	TGCAAATTCA GCGACAACAC AAGCAGCTAA CACAAGACAA GAACGCACGC CTAAACTCGA	2760
	AAAGGCACCA AATACTAATG AGGAAAAAAC CTCAGCTTCC AAAATAGAAA AAATATCACA	2820
15	ACCTAAACAA GAAGAGCAGA AAACGCTTAA TATATCAGCA ACGCCAGCGC CTAAACAAGA	2880
	ACAATCACAA ACGACAACCG AATCCACAAC GCCGAAAAC TAAAGTGACAA CACCTCCATC	2940
	AACAAACACG CCACAACCAA TGCAATCTAC TAAATCAGAC ACACCACAAT CTCCAACCAT	3000
20	AAAACAAGCA CAAACAGATA TGA CTCTAA ATATGAAGAT TTAAGAGCGT ATTATACAAA	3060
	ACCGAGTTTT GAATTTGAAA AGCAGTTTGG ATTTATGCTC AAACCATGGA CGACGGTTAG	3120
25	GTTTATGAAT GTTATTCCAA ATAGGTTTCAT CTATAAAATA GCTTTAGTTG GAAAAGATGA	3180
	GAAAAAATAT AAAGATGGAC CTTACGATAA TATCGATGTA TTTATCGTTT TAGAAGACAA	3240
	TAAATATCAA TTGAAAAAAT ATTCTGTCCG TGGCATCACG AAGACTAATA GTAAAAAAGT	3300
30	TAATCACAAA GTAGAATTAA GCATTACTAA AAAAGATAAT CAAGGTATGA TTTCACGCGA	3360
	TGTTTCAGAA TACATGATTA CTAAGGAAGA GATTTCTTGG AAAGAGCTTG ATTTTAAATT	3420
	GAGAAAACAA CTTATTGAAA AACATAATCT TTACGGTAAC ATGGGTTTCAG GAACAATCGT	3480
35	TATTAATG AAAAACGGTG GGAAATATAC GTTTGAATTA CACAAAAAAC TGCAAGAGCA	3540
	TCGTATGGCA GACGTCATAG ATGGCACTAA TATTGATAAC ATTGAAGTGA ATATAAAATA	3600
	ATCATGACAT TCTCTAAATA GAAGCTGTCA TCGGAAAAAC AAGAAGTTAA GTGACAACGG	3660
40	TTTACATGTT GCTTAGCTTC TTTTATTATG CGTAATGATG TAAAAAGACG AATATTCATT	3720
	TGTTTGTAAG AGTGGCATT CTATGTCTTA AAAGTGACGA AACTTCAAAT GTGCCAAGTG	3780
45	TTGAATCACA TCAAAATCAT TTTTATTTAA CGAACATTAT GGATTCTTA ATTTACTTAA	3840
	CGATGATTCA AATATAGTTA AACAAGGTTT AATGTGAATG GAGCAATACG CCATCTATAA	3900
	TAAAGCTGTA TGATTCAATG AATGTAATCG AACAAATCTA ATAATTACGA ATGGAGCATA	3960
50	CAACTATGAA AATAACAACG ATTGCTAAAA CAAGTTTAGC ACTAGGCCTT TTAACAACAG	4020
	GTGTAATCAC AACGACAACG CAAGCAGCAA ACGCGACAAC ACTATCTTCC ACTAAAGTGG	4080
55	AAGCACCACA ATCAACACCG CCTCAACTA AAATAGAAGC ACCGCAATCA AAACCAAACG	4140

	CGCCTTCAAC TAAAGTGACA ACACCTCCAT CAACAAACAC GCCACAACCA ATGCAATCTA	4260
	CTAAATCAGA CACACCACAA TCGCCAACCA CAAAACAAGT ACCAACAGAA ATAAATCCTA	4320
5	AATTTAAAGA TTTAAGAGCG TATTATACGA AACCAAGTTT AGAATTTAAA AATGAGATTG	4380
	GTATTATTTT AAAAAAATGG ACGACAATAA GATTTATGAA TGTGTGCCCA GATTATTTCA	4440
	TATATAAAAT TGCTTTAGTT GGTAAAGATG ATAAAAAATA TGGTGAAGGA GTACATAGGA	4500
10	ATGTCGATGT ATTTGTCGTT TTAGAAGAAA ATAATTACAA TCTGGAAAAA TATTCTGTCG	4560
	GTGGTATCAC AAAGAGTAAT AGTAAAAAAG TTGATCACAA AGCAGGAGTA AGAATTACTA	4620
15	AGGAAGATAA TAAAGGTACA ATCTCTCATG ATGTTTCAGA ATTCAAGATT ACTAAAGAAC	4680
	AGATTTCCCTT GAAAGAACTT GATTTTAAAT TGAGAAAACA ACTTATTGAA AAAAATAATC	4740
	TGTACGGTAA CGTTGGTTCA GGTAAAATTG TTATTAAAT GAAAAACGGT GGAAAGTACA	4800
20	CGTTTGAATT GCACAAAAAA TTACAAGAAA ATCGCATGGC AGATGTCATA GATGGCACTA	4860
	ATATTGATAA CATTGAAGTG AATATAAAAT AATCATGACA TTCTCTAAAT AGAAGCTGTC	4920
	ATCGGAAAAA CAAGAAGTTA AGTGACAACG GCCTACATGT TGCTTAGCTT CTTTGTTAT	4980
25	GTTCGATGAT TTGAGAACCC GAATTTTCGA TGGGTCCAAA TATGACGTGG AAGAGACCTG	5040
	AATTTATCTG TAAATCCCTA TCTATCGGGT GTGAAGCACA ACGGGATCAG TTTTATTTAA	5100
30	CGAACATTAT AGATTCCTTA ATTTACTTAA TAATGATTCA ATGATTATTA AACATGGTTT	5160
	AATGTGAAAG GTCAAATACG CTAATAATAA TAAAGCTGTA TGATTCAATA GACGTAAGCG	5220
	AACAAATCTA ATAATTACGA ATGGAGCATA CAACTATGAA AATGACAGCA ATTGCGAAAG	5280

35 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 545:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 886 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 40 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 545:

45	AGTAAAATTG CCGGTATGAT GGACACAAAC GGTGACCTTG GTCAAGGTGA ATTAGCGATT	60
	AATCCACCTA AATCAGATTT gAACGAATTA CCTTGGGCTA CACGTAAAAA TAAACAGCCA	120
50	GCTTCATCCG AAAAagGTTc AAGTGGTCAT CATGGTAATG CAGCAATGCC TCAAACCama	180
	TTAGATTATC AAATATCTAT TGATAAGGTC GTTGAACAGG CGCAAAAAGC TGGTATTAAA	240
	AAGCCGTTTT CAATCGTATA TCCAAGTGAT AAAAATGGTA CCTTTATTGT ATCTAATACT	300

55

GATCAATATA GCGGTAAAAA GCTAGGTACG ATTAAATATG ATGACTACGG TATTATTGCT 420
 AAATGGTTTA CATGGGGCAT TCCGCTTCAC GAAGGTCATT TATTCGGCAT TTTAAATAAA 480
 5 ATCATTAAAT TATTTGTATG TATCGCTTTA TTAGTAGCCA TTGGCATGGG GTTTGTCTCT 540
 TGGATAAAGC GTACAAAAAA TACTGCAGTA AAAGTACCAC ATCGCGTAAA AAAACCAGCA 600
 TCTATATCAC TCATAATATG TTTAATTGTA TTAGGATTAT TAATGCCATT ATTTGGATTA 660
 10 TCACCTATCC TTGTATTTAT AATTGAATTA ATATTATATA TTAAAGATCG TCGTGCTAAA 720
 CAATAATGCA CTTAAAGTTT TGAAGTACG AAATTTACAA AATGgATTCT CGTCTCTCTA 780
 15 ATTACtTAAA ACGGGgTtCy AaTAATAAAT CgTACTGaTG GgAAAAGTTTT TACTTTTTAt 840
 CTGtCCGAtT TTTTnGAAwT TGAAGATAAA AAAGCATCTA AAACGC 886

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 546:

20 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 4336 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

25

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 546:

30 GGCATTGTG TCCTTATATA AGGAACTGTG tTAAATACAT TACTGTTGTT AAGTTGTTTT 60
 TGTAATTCAA AGAGCAGAAC AGAGTAACAT CATCAGTTGT AGTAAACGAT AATCCGGTAA 120
 AACAATAAAA TGAAATAATG AAAGTCATTT AACCTGAACA TTAAAATATA TTTGTTTTTC 180
 35 ATTAAGAATA ATTCAAGTAT ATTTAAATCG AGGTTAATTA TCGTATGAAA CGATGCACGT 240
 TATAATAAAA ATGTATGATT CAAATTACGT AATGAAAACA ATCCAATATA TTAAGATTGG 300
 AGCAAATAAA TATGAAATTT ACAGCATTAG CAAAAGCGAC ATTAGCTTTA GGAATTTTAA 360
 40 CAACAGGAAC TTTAACAACA GAAGTTCATT CAGGTCATGC AAAACAAAAT CAAAAGTCAG 420
 TAAATAAACA TGACAAGGAA GCATTATACC GATACTACAC TGGAAAGACT ATGGAAATGA 480
 AAAATATTAG TGCTTTGAAA CATGGTAAAA ACAACTTACG TTTTAAGTTT AGAGGTATTA 540
 45 AGATTCAAGT TTTACTGCCT GGAAATGATA AAAGTAAATT TCAACAGCGT AGTTATGAGG 600
 GGTTAGATGT TTTCTTTGTT CAAGAAAAAA GAGATAAGCA CGATATATTT TATACTGTTG 660
 50 GTGGTGTAAT ACAGAATAAT AAAACATCTG GAGTTGTCAG TGCACCAATA TTAAATATTT 720
 CAAAAGAAAA GGGTGAAGAT GCTTTTGTGA AAGGTTACCC TTATTACATT AAAAAAGAAA 780
 AAATAACACT AAAAGAACTG GATTATAAGT TGAGAAAGCA TCTAATTGAA AAATACGGAC 840

55

ATAACCTTGA TTTAAGATCT AAATTAAAAT TTAAATATAT GGGGGAAGTC ATAGAAAGCA 960
 AACAAATTAA AGATATTGAA GTTAACTTAA AGTAAATCAT TACGAATAAT TAAAAGTAAT 1020
 5 TGAAGCGGCT TAACGGTGAA ATGTAAATTG GTGCGCATAG CTTATACAAA AAGGATGCAT 1080
 CAATCGATAT CGTCGTTAAG CCGTTTTGGT TTGTGTGTCA TGAATCCTAT CCCAATCTCC 1140
 10 ATAAAGGTAA AATTTCCACC ACCAACATCA AAATTCTCCA CATCGCAACA TAACCAAATG 1200
 TTATAATAAA TCTATTACAC AAAGAGATAA ATTACTTATT CAAAGCGGA GGAATCACAT 1260
 GTCTATTACT GAAAAACAAC GTCAGCAACA AGCTGAATTA CATAAAAAAT TATGGTCGAT 1320
 15 TGCGAATGAT TTAAGAGGGA ATATGGATGC GAGTGAATTC CGTAATTACA TTTTAGGCTT 1380
 GATTTTCTAT CGCTTCTTAT CTGAAAAAGC GGAACAAGAA TATGCAGATG CCTTGTGAGG 1440
 TGAAGACATC ACGTATCAAG AAGCATGGGC AGACGAAGAA TACCGTGAAG ACTTAAAAGC 1500
 20 AGAATTAATT GACCAAGTCG GTTACTTCAT TGAGCCAGAA GATTTATTCA GTGCGATGAT 1560
 TCGTGAAATT GAAACGCAAG ATTTTCGATAT CGAACACCTG GCGACGGCAA TTCGTAAAGT 1620
 TGAAACATCA ACATTAGGTG AAGAAAGTGA AAATGACTTT ATCGGTCTGT TCAGCGATAT 1680
 25 GGATTGAGT TCAACGCGAC TAGGTAACAA TGTCAAAGAA CGTACTGCTT TAATCTCTAA 1740
 AGTCATGGTT AATCTTGACG ACTTACCATT CGTTCACAGT GACATGGAAA TTGATATGTT 1800
 30 AGGTGATGCA TATGAATTCC TAATTGGGCG CTTTGC GGCG ACAGCGGGTA AAAAAAGCAGG 1860
 CGAGTTCTAT ACACCACAAC AAGTATCTAA GATACTGGCG AAGATTGTCA CAGACGGTAA 1920
 AGATAAATTA CGTCACGTGT ATGACCCAAC ATGTGGTTCA GGTTCACTGT TGTTACGTGT 1980
 35 TGGTAAAGAA ACACAAGTGT ATCGTTATTT CCGTCAAGAA CGTAACAATA CTACATACAA 2040
 CTTAGCACGC ATGAATATGT TATTACATGA TGTGCGTTAT GAGAACTTCG ATATCCGTAA 2100
 TGATGACACA TTGGAAAACC CAGCCTTTTT AGGCAATACA TTTGATGCGG TTATTGCGAA 2160
 40 CCCACCGTAT AGTGCGAAAT GGA CTG CAGA TTCAAAGTTT GAAAATGACG AACGATTCAG 2220
 TGGTTACGGC AA ACTTGCGC CTAAGTCTAA AGCAGACTTT GCCTTTATTC AACACATGGT 2280
 45 ACATTACCTA GACGATGAAG GTACCATGGC CGTTGTACTC CCACATGGTG TATTATTCCG 2340
 AGGTGCTGCA GAAGGTGTCA TTCGTCGTTA TTAAATTGAA GAAAAGAACT ACTTAGAAGC 2400
 TGTGATTGGT TTGCCAGCGA ATATTTTCTA TGGGACAAGT ATTCCAACAT GTATTTTAGT 2460
 50 ATTTAAAAAA TGTCGCCAAC AAGACGACAA CGTACTATTT ATCGATGCAT CCAATGATTT 2520
 TGAAAAAGGA AAAAATCAAA ATCATTTAAG CGATGCCCAA GTCGAACGTA TTATAGACAC 2580
 ATATAAGCGT AAGGAAACAA TTGATAAATA TAGCTACAGC GCGACACTAC AAGAGATTGC 2640
 55

	GATTGATTTA GATCAAGTCC AACAGATTT GAAAAATATC GATAAAGAAA TCGCAGAAAT	2760
	TGAGCAAGAA ATCAATGCAT ACCTGAAAGA ACTTGGGGTG TTGAAAGATG AGTAATACAC	2820
5	AAAAGAAAAA TGTGCCAGAA TTGAGGTTCC CAGGGTTTGA AGGCGAATGG GAAGAGAAGC	2880
	AGTTAGGGGA TCTTACAGAT AGAGTAATTA GGAAAAATAA AAACCTTAGAA TCGAAAAAGC	2940
	CTTTAACAAT ATCCGGACAG TTAGGTTTAA TTGATCAAAC AGAATATTTT AGTAAATCAG	3000
10	TTTCGTCGAA AAATCTAGAA AATTATACAC TAATAAGAA TGGAGAATTC GCGTATAACA	3060
	AAAGTTATTC TAATGGATAC CCATTAGGGG CTATTAAAAG ATTAAC TAGA TATGATAGTG	3120
15	GTGTATTGTC CTCTTTGTAT ATTTGTTTTT CTATTAAAAG TGAAATGTCT AAAGACTTCA	3180
	TGGAAGCATA TTTTGATTTC ACACACTGGT ATAGAGAAGT TTCTGGAATT GCAGTTGAGG	3240
	GTGCAAGAAA TCACGGATTA TTAAATGTTT CTGTGAATGA TTTTTTTACT ATTCTAATTA	3300
20	AAATCCAAG TTTAGAAGAA CAGCAAAAAA TAGGCAAGTT CTTAGCAAAA CTCGACCGAC	3360
	AAATTGAATT AGAAGAACAA AAGCTTGAAT TACTTCAACA ACAGAAAAAA GGCTATATGC	3420
	AGAAAAATTT CTCACAGGAA CTGCGATTCA AAGATGAGAA TGGTGAAGAT TATCCAGATT	3480
25	GGGAAAAATAG CAAAATAGAA AAATATTTAA AAGAGAGAAA CGAACGTTCT GACAAAGGGC	3540
	AAATGCTTTC AGTAACTATA AATAGTGGCA TTATAAAATT TAGTGAATTG GATAGAAAAG	3600
	ATAATTCAAG TAAAGATAAA AGTAATTATA AAGTAGTTAG GAAAAATGAT ATTGCATATA	3660
30	ATTCTATGAG AATGTGGCAA GGGGCTAGTG GTAAATCAAA TTATAATGGG ATTGTTAGCC	3720
	CTGCATATAC TGTGCTTTAT CCAACACAAA ATACTAGCTC ATTATTTATT GGATATAAGT	3780
35	TTAAACACA TAGAATGATT CATAAATTTA AAATTAATTC ACAAGGATTA ACATCAGATA	3840
	CATGGAACCT AAAATATAAA CAATTAAAA ATATAAATAT AGATATACCT GTATTGGAGG	3900
	AACAAGAAAA GATAGGTGAT TTCITTTAAAA AAATGGATAT ATTGATAAGT AAACAGAAAA	3960
40	TGAAAATTGA AATATTAGAA AAAGAGAAAC AATCCTTTTT ACAAAAAATG TTCTTATAAC	4020
	TTTGATAAAT ACATAGATTG CATAAGAATA AAATTTGTAT AATTTAACAT AAAAGTTGTA	4080
45	AAAGTAAAGT GAATTAAAA CGAACATTAA ATTTAGGCAC TGTGAAAGCG CAGTGTCTTT	4140
	TTTGTGTCGA AATTGTGTAC AGAATAAGTA GTTAAATAAA GATTAAGTTG AGATAAAGTG	4200
	TTATTCGTAA ATAAAAGAGA GTAGATCGAT AGGAATTGAA TGATATTAGT TAACTATTTA	4260
50	TTAAATTACT TAATAATGAT TAATTTTTAG TTAAAGTAAG TTTAATGTGA AGCAGACCA	4320
	TTGCTCATTA TAATGA	4336

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 547:

(A) LENGTH: 487 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 547:

10	TAAGCTATCT GAGATAATTG CTGATAACAT TAAACCGGCA ATTTTCAGGT TAATTTCAAA	60
	GCCACGTTCT CTAAACATTT TGTATAAAAT TGTAGCTGTA CAACCAACTG GTTCAGCAGC	120
	ATAACATAAA GGACCAGCAG TTTCGAAATT TGCAATTCTG TGATGATCAA TTACATGCTT	180
15	AATTGTAGCA GAGGCAATCG TATCAGAACT TTGTTGGaAT TCGTTATGAT CAACTAAGAT	240
	AACATCTTGA CCATCTAAAT CATCTGTAA TAATTCGGA GCAGGTACAT TAAATGTATC	300
	TAACGCGAAT TGAGTTTCTG CACTCACATC ACCTAACGG TATGCTTTGG CTCCTGAATT	360
20	ACCTCGAAGT TGTTCaAATT CTGCCaTAAT AATCGCAGAT GAAATTGCAT CAGTGkCTGG	420
	aTTCTTATGT CCGAAAATAT ATGTTTTAGC CanTGTCAAA TATCTCCCTT GTAAATTGTA	480
25	TTCTTTA	487

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 548:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 871 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

30

35

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 548:

	TTGGTGGTGC AGCAGTTATA GCAATTGTTT TAGCATTCAT TGGTAAGTTC ACTGCATTAA	60
	TTTCTTCTAT ACCTACmCCA GTTATGGGAG GAGTATCTAT ATTACTTTTC GGTATTATTG	120
40	CAGCAAGTGG CTTAAGAATG TTAGTTGAAA GCAAAGTAGA TTTTGCGAAC AATCGAAATT	180
	TAGTTATAGC TTCTGTAATT TTAGTTGTAG GTATCGGTAA TTTAGTATTT AACTTAAAAG	240
45	AAATTGGTAT CAACCTTCAA ATTGAGGGGA TGGCATTAGC TGCACTTTCA GGAATTATTT	300
	TGAACCTAAT CTTACCTAAA GAGAAAAAAC AAAACAATTA AGATTTACAA ATTAAGGAGG	360
	GCGCTTTTAT GAATCATTTA TTATCAATGG AACATTTATC TACAGATCAA ATATACAAAC	420
50	TTATCCAAAA GGCAAGTCAA TTTAAATCTG GTGAACGTCA ACTACCAAAC TTTGAAGGGA	480
	AaTATGTCGC AAATTTATTC TTTGAAAATT CTACTCGrAC AAAATGTAGT TTTGAAATGG	540
55	CAGAACTTAA GCTAGGGTTA AAAACGATTA GCTTTGAAAC ATCAACATCA TCTGTTTCAA	600

TCATTAGACA TCCGTTTAAT AACTACTATG AAAAATTAGC GAATATTAAC ATCCCAATTG 720
 CGAATGCTGG TGATGGTAGT GGACAACATC CAACACAAAG TTTACTTGAT TTAATGACGA 780
 5 TATATGAAGA ATATGGATAT TTTGAAGGCT TGAATGTATT GATTTGTGGA GAcATTaAAA 840
 ATTCACGTGT CGCACTAGTA ATTACCAaAG T 871

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 549:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 400 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 549:

20 TCAATCTAAT ATATACTTCA TGACTTCCCG CCAAAGGCGC AATCGTAGGA TTAGTCTGTT 60
 TATCGATAAG ATCTATTAAT ATTGTTTCTA CTTTAGATTC ACCTATTCCC GCAAATCTTA 120
 ATAGTTCAGA ATGTATAATT CGATTATGGT TTATAAAATG TGACAACAAT TCATTTTTCA 180
 25 CCATTGGTTG CATTTCCTTC GGTGGACCTG GTAATAAAAT AATTTGTTTG TTTTCAAAAT 240
 TCACCATCAT TCCTGGAGCC ATGCCATGAT GATTTGTAA TACAGTTGAA CCTTCAATTA 300
 CTAAAGCCTG TTGTcTATTA TTAGGTGTCA TTTCTtGTCC TTGTTCTCA aAAwAGCTTT 360
 30 CAATATATTG AAAGAAGGCT CATCAATAAC TAAATCTnTA 400

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 550:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1523 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 550:

ATACCTCCAG CTAGAATACC AGCGTATTTC ATAAAATACT TCCTCCATTC AACTATATCT 60
 45 ATATTTAATT ATTTAAATTT CGTTGCATTT TCCAATTGAA AACTCATTTT AAAATCAAAA 120
 CTCTAAATGT CTGTGTATTA CTTAAAATTA TACATATTTT GCTTATATTT TAGCATATTT 180
 TGTTTAAACC TATATTACAT TATATCAGAC GTTTTCATAC ACAAATAATA ACATACAAGC 240
 50 AAACATTTTCG TTTATTATTT ATATCACTTA ACTAATTAAT TTATAATTTT TTATTGTTTT 300
 TAAGTTATCA CTTAAAAATC GTTTGGCaAA TTCGTTGTGA CGCTTGTCCTA TCTTCTAATG 360

TTTGTTTTAA TGCATCAATG AGTGCTGTTT GATTTTCAAC AATTGGACCT GGCAACTCTT 480
 TTTTATAATC CATGTAAAAA CCTCTAAGCT CATCGCCATA TTTATCTAAG TCATATGCAT 540
 5 AGAAATTTG CGGACGCTTT AATACACCGA AGTCGAACAT GACAGATGAG TAGTCGGTAA 600
 CTAACGCATC GCTGATTAAG TATAAATCCG AAATGTCTTC ATAAtCTGAA ACGTCTTTCA 660
 10 CAAAATCATC ATGTTTCATCA ATACGTGTCA CAACTAAATA ATGCATGCGT AAKAAAATAA 720
 CATATTCATC ATCCAGCGCT TGACGCAAAG CTTCTATATC AAAGTTAACA TTAAATTGAT 780
 ATGAACCTTC TCGAATCGCT TCATCGTCAC GCCAAGTTGG CGCGTACATA ATCACTTTTT 840
 15 TATCTAATGG AATATTTAAT CTTGTCTTAA TACCATTAAT ATATTCAGTA TCATTGCGTT 900
 TATGTGATAA TTTATCATTT CTTGGATAAC CTGTTTCCAA AATCTTATCT CGACTAACAT 960
 GAAATGCATT TTGAAATATC GATGTCGAAT ATGGATTAGG TGACACTAGA TAATCCCACC 1020
 20 GTTGGCTTTC TTTTTTAAAG CCATCTTGGT AATTTTGAGT ATTTGTTTCT AGCATTTTAA 1080
 CGTTACTAAT ATCCAAACCA ATCTTTTTTA ATGGCGTGCC ATGCCATGTT TGTAAGTACG 1140
 TCGTTCGCGG TGATTTATAT AACCAATCTG GTGTACGTGT GTTAATCATC CwCGCTTTTCG 1200
 25 CTCTTGGCAT CGCTAAAAAC CATTTTCATTG AAAACTTTGT AACATATGGT ACATTGTGCT 1260
 GTTGAATAT GTGTTTCATAT CCTTTTTTCA CACCCCATAT TAATTGGGCA TCGCTATGTT 1320
 CAGTTAAGTA TTCATATAAT GCTTTGGGGT TGTGCTGTA TTGTTTACCA TGAAAGCTTT 1380
 30 CAAAATAAAT TAGATTCTTG TTTGGCAATT TTGATAGTAA TTTAAAAGTC GTATATATAC 1440
 TATGTTCTAT CAATTTTTTA ATTGTATTTT TAATCATGTC GTACCTCCGA CGTGTTTTTG 1500
 35 TAATTATATT AATATGTATG AGC 1523

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 551:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 40 (A) LENGTH: 4923 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 551:

CAGTAAGAGA TTTTCTTAAT TGAAATAAAT CTTACTGCTT TTTTAAATTT AATTTGAGA 60
 50 TTCAATATTA GTTTATCTCA TTGTGGCATT AATTGATAAA ATTGTTTTAA TGTATATAAT 120
 CAAAGTCCTC TTCAACAATT TCAATGTCTG CATCAGATCT ATGATATGTG AAAAAGCTAA 180
 TTCTTATGCG GTCTAAATGC TCTAAATGGT GTCGATACTC TTCGATGGCT GCAACAATTT 240

55

	ATGTGGACAA TAAATCTTTT TTCTGCGGAT TATCTAACTC ATAATCAACA TGTGTCACAT	360
	TATAACGTGC TTTTITAGAA AGGCTAGCTA AAATTTGCTC GTGAAAAGCA GTTAATGAAT	420
5	CTAAATCTAA TTTGATTTGT AATAGGAAAT TGTTATTAAG TAAATATAAG TCGTTTGTAT	480
	AACGCGACAA TTTGTTTAAT ACTTCATAAG CTTGTCTAGT CGTCTGAACT ACTTCTCTGA	540
	AAAGTATTTT CTTTCTATTG TGTTGGTGAA TATGTTTMTT TGTAATAGGA CGTTCTTCGC	600
10	TATAGTAATC ATAAATTTTC TCTAACTTTT CGACACGTTG TTTTAAATTA TGACTATCTT	660
	GTTTAATATT ATTAAACTCC GTCGTATCAT TTAATACTAA TTTAAACCAC ATAAAAATAT	720
15	CTGAGGATAT ATTTAATGAA TTATAGTAAA TTTTGTTC AAATTTAGGT GGTAGAAACA	780
	CAAAGTTAAC TAGAGATGAA CTTATGACAC CAATCATTAC AAGTACAAAC CTGTAAAGG	840
	CGGTAATATA GAAAGAACCG GTATGTTGTC CCATAATGAT TAATGCTGTT ACACTCGCCA	900
20	AAGTAGCAAC ATGTGCTAAA TTAAATTTAA ATAAATAGC AATAAGTACT ATGACGGTAA	960
	CACCCATAAT GATAAAATTA TCACTAAAAA TTGTTACCAT TGTAACAGAT AGTATGGCAC	1020
	CTATAATGTT ACCCAATGCT TGATCAGAAA CTGTTTAAA TGAACGATAA ATACTAGGTT	1080
25	GCATTGCACa ACAGCACTGA CACCAGCTAA GGCTTTCAGA CCAACATCAT CCGGTAGTAA	1140
	AGAAGCGATA GACATAGCTA AAATAATGGC TATACCAGTT TTAAAAATCC GAGCTCCTAG	1200
	TCTCAAAAAT AATGACGCCC CTTTAAAGTT TATTGAATAT CTAATATTCG TATTCAATAC	1260
30	TGTTATACAC TTAGTAGTTA CAAAATTCAA GCTTATTTAT AGTTGTTAAA ATAAATCATA	1320
	CATAATACTG ATAGCGATGT AAAACTTTAG TCAGAGATTA AAATAGTATA AATTTGTAAA	1380
35	ATAAAAATC ACATAGTGAC ATATCAAGTT AAACGTTAAT AGTTAACGAT ATAAAATGAA	1440
	TCTACTATGT GAGCATTTGC TTTATTTTAA TTCAATTAAA AATATACTTC CTAAAAAGTT	1500
	ATTTCAATTG ACTAAAAGCA TAGTCTGCAG CTTTTAAAGT TTGTTTAAATA TCTTCTCTG	1560
40	TATGTTCAGT TGTTAAGAAC CAAGCTTCAA ACTTAGAAGG TGCTAAATTG ATACCTTGAT	1620
	TTAACATTAA TTTGAAAAAT TTACCGAACG CTTCCGCGTC AGAATGTTCA ACTTGATCAT	1680
	AATGTGTGAC TTTTTCATCT GTAAAGTACA ATGTTAAAGA TCCATAAATA CGATTAATTG	1740
45	TAGCTGTGAT ATTATGTTTT TCGATTAATT TAAGTAAACC TTCTTCTAGT TGTTGGCCTA	1800
	AGCTGTCTAA TTTTTCATAA ACACCGTCTT GTTCTAGTAC TTCGAGTAAT GCAATACCTG	1860
50	CTTTCATAGA TAACGGGGTTA CCAGCCATTG TACCAGCTTG ATATGCAGGT CCTAGAGGTG	1920
	CTACTTGTTT CATAATATCT TGACGTCCAC CATAGCCTCC AATTGGTAAA CCACCGCCAA	1980
	CAATTTTACC AAATGCAGTT AAATCAGGGA TAACACCTAA TAAATCTTGA GCGGCACCGT	2040

55

	AAATTCATT AACCTCTTCT AAAAATCCAG GTTGAGGCAT TACCATTCCA AAGTTACCAA	2160
	CAATTGGTTC TACTAATACT GCGGCAATTT CATCACCCCA AAATTCAATT GCTTCTTTAT	2220
5	AGGCGTTAAT ATCATTGAAA GGTACAGTAA TGACTTCACG TGCGACGCTT TCTGGAACAC	2280
	CAGCTGAGTC TGGAGAACCG AGCTGAGATG GGCCGCTACC TGCTGCAACC AATACTAAAT	2340
10	CAGAATGGCC ATGATAAGAT CCAGCAAATT TTATAATTTT ATTTCTTTTA GTATATGCAC	2400
	GTGCAACACG AATTGTTGTC ATGACTGCTT CTGTTCCAGA ATTTACAAAG CGAATTTTCT	2460
	CAAGAGATGG AATTGCATCA CGTAATTTTT TGCTGAATTC AATTCTAAT TCAGTCGGTG	2520
15	TACCAAATAA AACACCTTTA GCAGCTTGTT CTTGAATTGC TTTAGTAATA TGAGGATGTG	2580
	CATGCCCCGT AATAATTGGA CCGTATGCTT GAAGGTAATC AATAAATTTA TTGCCATCGA	2640
	CATCATATAA ATATGCACCG TGTCTTCTT TCATAACAAC AGGTGCACCG CCTCCTACAG	2700
20	CTTTATAAGA ACGAGAAGGG GAATTGACAC CGCCTAGAAT ATATTCGTTT GAAAGTTGTT	2760
	GTAAACGTTT ACTTTCACCT AAATTCATTT ATATCAACCT CTTTAAATTT AATATTTTCA	2820
	TCTAATATCG TATCATAAAA TTATTATAAT GAAGAAAAAG GTGATTATAT GTTGCAAAAA	2880
25	GGAGAACAAAT TTCCAATATT TAAATTAGAA AATCAAGACG GAACTGTCAT TACAAATGAT	2940
	ACATTAAAAAG GTAAAAAGGC GATTATATAT TTTTATCCTA GAGATAATAC ACCTACTTGT	3000
30	ACCACAGAAG CTTGTGACTT TAGAGACAAT TTAGAAATGT TCAATGATTT AGATGTTGCA	3060
	GTATATGGTA TAAGCGGTGA TTCAAAGAAA AAACACCAAA ATTTTATTGA GAAACACGGA	3120
	TTGAATTTTCG ATTTATTAGT AGATGAAGAT TTTAAATTAG CTAAAGAAA GCGGTATATC	3180
35	AGTTAAAAAA ATCATTGTCG AAAGAAAGTA TGGGCATTGT AAGAACGACT TTTATAATAG	3240
	ATGAACAAGG TAAAGTATTA GATGTTATCG AGAAGGTTAA GGTAAAAACA CAAATAGAAG	3300
	AACTTAAAAA CATTTTGGGG TGACATATAT GAAAGTTGTT GGGTTAAATC GTATGCGTGA	3360
40	AGTTGAAACT GAATTACAAC AACGCTTTTC AGATTTAGAT TTTAAATTTT ATAAAAAGC	3420
	ATCAGAAATA CCTGAGAGCG ACTTGGCTGA TTTAGATATA TTAGTTGGTT ATGATGGCGG	3480
45	TATCAATGAG GCATTTTAC GACGTTGCCC GAATTTAAAA TGGATTGCAT GGTTTGCAAC	3540
	GGGTGTAAAT ACATTGCCGT TAGATTATAT TGCAGATCAC GGCATACTTT TAACTAATGG	3600
	AAAAGGTGTT CAAGCTAAAC AATTATCTGA ATACATTTTA GCTTTCATTT TAGATGATTA	3660
50	TAAAAAGATG AAATATCAT ATGATAACCA ACGACAACAT ATATATGATT CGAAAATAAC	3720
	TGGTAAACGC CTATCAGGAC AAACAGTTTT ATTTTAGGT ACAGGTGCAA TTGCTACTAG	3780
	AACTGCGAAG TTAGCAAAGG CTTTAAATAT GAATTTAATT GGTCTGAGCA AGTCAGGTCA	3840

55

TGCTGACATT ATTATAAATG CTTTACCAGA AACGCAAGAA ACGATTCaTT TaCTAAAGAA 3960
 AAAACATTTT GAATTAATGA AAGATGAAGC ACTTTTTATA AATATAGGAC GAGGTAGCAT 4020
 5 AGTTAAAGAA GCGCTCTTAA TAGAAGTATT AAAAAGTAAA GTTATTCGAC ATGCATATTT 4080
 AGATGTGTTT GAAAATGAAC CTTTGAAACC TAATCATGAA TTATATGAAT TGGATAATGT 4140
 AACTATAACA GCGCATATAA CTGGTAATGA TTATGAAGCA AAGTATGACT TATTAGATAT 4200
 10 TTTTAAAAAC AATCTAGTTA ATTTTCTCAA TAAGAATGGT CTAATTGAGA ATGAAGTTGa 4260
 TGCTAAAAAA GGCTATTAAA TGAATCATC ATGTAAATAT TGACACGCGC GCAATACTAC 4320
 15 AGTTATATTT aTAGTAAGTt AATaATgATT ATATAAGAAa GATGGTgATA TAGATGAGTG 4380
 TTGAAATAGA ATCAATTGAA CATGAAGTAG AAGAATCAAT TGCATCATTG CGACAAGcAG 4440
 GCGTAAGAAT TACACCTCAA AGACAAGCAA TATTACGTTa TTTaATTTCT TCACATACTs 4500
 20 ATCCAACAsC TGaTGaAATT TATCAAGCAC TTTCACCTGa TTTTCCAAAT ATAAGTGTG 4560
 CGACAATATA TAATAACTTA AGAGTGTTTA AAGATATTGG AATTGTAAAA GAATTAACAT 4620
 ATGGAGACTC ATCAAGTCGA TTCGACTTTa ATACACATAA TCATTATCAT ATTATATGTG 4680
 25 AACAAATGTGG TAAGATTGTT GATTTTCAAT ATCCACAGTT AAATGAAATT GAAAGATTAG 4740
 CTCAGCATAT GACTGACTTT GACGTAACAC ATCATCGAAT GGAAATTTAT GGAGTTTGTA 4800
 AAGAATGCCA AGATAAATAA TTAACTTTG GTAGTATGAC AAATTAAAAA AGCGTTACTw 4860
 30 ACTTCATATA AGTAAGCGTA ATATTTAAGA nGTTAAACGA CATGaAAGTt GTTTAACTTT 4920
 TTT 4923

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 552:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 917 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 40 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 552:

45 TCCGGCTTTA AAAACTTTTC CCAATTCCAG CTGGGCCCTT TGGCATTAAAT ATTAACCTCC 60
 TGGTTCGGAT TAATTGGGAA CCTAACnTT TAGGCAATAA TTGGTTTAGG CAACTTCCAA 120
 ATTGGTGGTT CAACCAACGT CTTTGGATAC CyTGcTCATT TAATTCTAAA ATGgTyTGAA 180
 50 CGCATTTTGG TACCCAAAAc GgTGACGTTT GTTTGCACGG TCTAATAAAT TGTCTAAGTT 240
 GTCGATTGGT TTCATTAATT GAaCACCATT TTGCTCTTCA GCAAGACCTT TGTCTACTTT 300

GCGATCCATT GTTTGTTCGA AAAGAATAGC ACCCAAAATT TTATCTGGTG AGAATGAAGG 420
 TGAAGTTACC ACACGTGTAC GCATATCGTG AACAAAGTTGG AACATTTCTG CTTCAATTGCT 480
 5 ATATTGATCT TCGTTTACAC CATATTCTTT AAGTGCTTTT GGTGTACTAC CACCACTTTG 540
 GTCTAATGCG GCAATAAAGC CTTTCCATT TTTCATTTTT TCTAATTGCT CTTTATTCAT 600
 ACTTCCACT CCTTAACTTT TCAATACACC TCCAGTATGA TAAAAATGAG AACATTTCTC 660
 10 AAGTCATAAA CCTTGAAAAG TGTATAAAAT GTGAAAAATA ATTGTCAGTT TAATTAAAAA 720
 TATTATTTTA TTCTAGGTAT GACTAACGCC ATTAATGACA TAAAGAAAAT ATGTGTAATA 780
 ATCCAACCGA TTAATTCTGT CACACTAAAT TGAAAAATTG GACGTTGCGC AATAAATACT 840
 15 AAAAAGGGAT ACAATGCTAT AAATAAGAAA AATAAAGGGA TATAACATAG ATAGTAAAGC 900
 CTTTGTAGAAG TATGAAA 917

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 553:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 432 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 553:

ACTCCCATAT CCACTGGCAA GATTATAAT TTGTAATTCT AAAGTATAAT AGCCTATATT 60
 TTTCAAAATC TCTTTTTTTA TGATTAAACAT CCCTCTAAGT GCACCTAAAG GTTTTTATGT 120
 35 AATGTATTAA ATATTTCCAT TTATACATAT ACATCTTGTA TAAAAAGAAA GAACTCCATA 180
 TATACTCAAA AGGTATACTG AAGCTCTATA TATTATATAA AATTATTATA CTATTTTGAA 240
 AAACATAAGT AAATCACTAA ACATGATTTT TTTCACTTTT AGAAAACTTT TAATACTATA 300
 40 AAAGCACCCA CTCAGTCACT AGTTTGGGCA GTTATTGTAT GCCTATTGaa CTCAATGCgT 360
 ATATTACAAT ACCTTTTtCG CATATTCATA TAAGacTTTG CATCTTTAAG CTTAATTGCT 420
 ATCTCTTTCT CT 432

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 554:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1374 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

TTTTGCTTTA TGTTAAATGG ATTATTaTTA GAATAAAAAA TCGGTGATGA GCTAAAAAAG 60
 TGTGTAGGAT GTTTTCCKAA CCCAATTTTT ACATCCGAAG ATATCGAACA ATATCTTCCT 120
 5 ACTTCTACAT TATTAATAATC ACTACCAAAT CCAATATAAC TGTATTCACC AATGTGAGAA 180
 TTCCTGATTT TACACCATCT ATCTATATAG TTATPGCCAT CAAATTTTGA GTTTGTAATA 240
 TACGCCAAGC GATGAATCTT AACATTCGAT TCTTTAGAGG ACTGGTTTTT CAGCAAACCA 300
 10 ATTATCTTTT CAATCGCTAT CCTCATCGTC ATTTCTCCA AGTATTCGA TTGATAATAT 360
 CTTTATAGCT TTGAATAATT TTAACCTACCT TTGTCGAAAC GTTAGTGTCT TTATAATCAA 420
 15 TAGCATCAAT CATCGGTTTCG TTATTGTTTT GCATCTCTCT TGCTAGTTCA ACGGATTGGA 480
 TTAGATTGTT ATAGGTAATA CCACCTACAA TAACCGTACC TTTATCTAGT ACTTCCGGTC 540
 TTTCTGTGGA AGTTCGAATA AGGACACCAG GGAACCTCAA AATAGACGAC TCTTCTGACA 600
 20 ATGTTCCACT ATCTGATAGC ACAACAAATG CATCTTTTTG CAATGCATTA TAATCAAAGA 660
 AACCAAATGG CTTTAACTGT TTAACCTAATG GATCAAATTC AAATTTACTT TCTTCAATTT 720
 TCTTCCAAC TCTTGGATGC GTTGAATAAA TCACAGGCAT TTTATACTTT TTGGCAATAT 780
 25 CATTTATCGC ATTCATTAAT GATTTAAAAT TCTTTTCATT ATCGATATTC TCTTCTCTAT 840
 GCGCAGaTAC TAAAATGTAT TGTGCGGTT CTAATCCTAG TTTATTTAAA ACGTCACTGT 900
 GATTAATTTT ATCTCGATGC GCTTCTATCA CTTCTGTCTCAT CGGTGATCCT GTyACAAAGA 960
 30 TATTCGCTTT ATTGAAGCCT TCATCTAATA AATAACGTCT GCTATGTTCC GTATAAGGTA 1020
 GATTACATC ACTGACATGG TCAACAATTT TACGATTGAT TTCTTCAGGT ACATTCTGAT 1080
 35 CAAAGCATCT ATTACCCGCT TCCATGTGGA ACACAGGAAT CTTTAATCGT TTAGCAGATA 1140
 CTGCTGCTAA ACAACTATTT GTATCACCAA GAATTAAAAG TGCATCTGGT TGTTCCGCTA 1200
 ATAAACATC ATATGTCTTC GCAATAATAT TCCCAatCGT TTCTCCanGt TACTTCCAAC 1260
 40 TGCCTCTAAG TAGTGGTCCG GTTGTCTTAA TTCCAAATCA TCAAAGAAAA TTTGATTCAA 1320
 TGTATAATCA TAATTTTGAC CAGTGTGTAC TAATATCTGA TTAnAAATAT TGAT 1374

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 555:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1472 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 555:

TTACCTCTAG GCATGTCCTT TTCACGGTTT GCTTATGATA ACGTTATCGA CATTGTTAAA 120
 TTGTCCTTTT TGAAAAAATA ATTCTGGTGA GATAGACGCT ACTTGGaTTT CaTCaGTTTG 180
 5 TAATAACGCA GtATAAtTAC CaTTACTAAA tTGaGTTAAT CGTTCaTATA AAGTACTAAT 240
 AGGATAATAA ATGTTATCCG TTAagCGCGC CGTATAGTTC ACTTGATACG TTTCGCCTTC 300
 10 AACAATTGCT TGTGGACAC GTTTAATATT AGTCATCATA ACCTCAGAAG ATTCAACAAA 360
 TGAAAAATGA TACTTTGATA CATAAGAAGT TTGATGTTCA TATGTTGAAT TTATGCTTTC 420
 CGCTTTTTCA AAACATAAG CTGCTGCATA AATATCATCT TTAGCTAATG AATGTGTACA 480
 15 CATAGCATGA TTAATAACT TTGCCGCTTC GTAACTTAAA TATAACGAGA CATATCTACC 540
 TTGTCGtKgt GCGCTTGTGC AAAGTGTATC ACTTCTCCA CATCAGCCAA CTTAGTAGCA 600
 ACATACTTCT TTATAAATCC CTTTAATTGA ATATGGTATT GCTTATATTC ATTTTCAGTT 660
 20 AAATAGTAGC GATAATTATA TTCTATTCTC ACAGTAATCA CCTACCTTCG ATAAAAATAA 720
 TTCAACTTGT CGATAACCGT ATTCACTCAA AATAGATTCA GGATGATATT GCACACCAAA 780
 AACCGGAAAT CTAATATGCT CAAATGCCAT AATAATCGCT TCATCGTTTT TTGCTGTAAT 840
 25 CTTTAAGCAA TTTGGAAAAG TCGCTCGTC AGCAATTAAT GAATGATAAC GCATTACATT 900
 GAAATTTTGA GGCAGTCCTT GAAAAATACC TTCATTGGTA TGGCGTAACT GTGTAGTATG 960
 TCCGTGTACA GGATGATAGC CGTGAATGAT ATTTCCACCA AAATAAGACA CGATACATTG 1020
 30 AAATCCTAAA CATAACCTA GTATAGGTAC ACGCTGATAA AATTGTTCTA ACACTTCATT 1080
 CAAGATAGGA TAATCATCCG GaTTACCCGG CCCAGGCGAA ATAACAATTG CTTTGGCTT 1140
 35 CATATTAATG ACGTCTTCTA TCAGCAGATT ATCAATACCA ACAACTTGAA CTGTTAGTTT 1200
 CGTTTGAGTC TTAATATAGT CTATTAAATT ATATGTAAAT GaATCATTAT TATCTATGAC 1260
 TAGAATCATT GTATACTCCG TTCTAAATGT GTTTTATTTT TATAATATGT ATTGGATGTA 1320
 40 GCTAAACTT TAAAAGCATT GTCATTATCC TGACCTTGAT TTAACTAAT ATATGGTATA 1380
 TTCTATTCAT CGTACATAAA TGAATATCAG AGGTTCTAG CTGAAACCCT CTATAAAAAA 1440
 CTAGGCCATT GAAATTTCAA ACATTCGTTG GG 1472

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 556:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1054 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

	AGAACAGCAA GGATTACTTA CTGAGGAATT AAAGAAGGAT ATTTTAAAAC AGAACAAATT	60
	ACAACGTGTT GAAGACCTAT ATAGGCCTTT TAAACAAAAG AAAAAGACAA GGGCAACTGA	120
5	GGCGAAACGT AAAGGGTTAG AGCCATTAGC GATATGGATG AAGGCACGTA AACATGAAGT	180
	CTCAATTGAA GAAAAAGCAC AACAAATTTAT AAATGAAGAA GTGCAATCGG TTGAAGATGC	240
	TATCAAAGGT GCACAAGATA TTATTGCGGA ACAAATTTCA GATAATCCTA AATATAGAAC	300
10	AAAAATTTTA AAAGATATGT ATCATCAAGG TGTGTAACT ACATCTAAAA AGAAAAATGC	360
	TGAAGATGAA AAAGGTATTT TTGAAATGTA CTATGCATAT AGTGAGCCAA TTAAACGCAT	420
15	TGCTAATCAT AGAGTTTTAG CTGTTAATCG TGGTGAAAAA GAGAAAGTAT TATCTGTAAA	480
	GTTTGAATTC GATACGACAT CAGTAGAGGA TTTCATTGCA CGTCAAGAAA TCAATCATAA	540
	TAATGTAAAT CGCAGTTATA TTTTAGAGGC GATTAAAGAT AGCTTGAAAC GCTTAATTGT	600
20	CCCTTCGATA GAGCGTGAAA TCCATGCTGA TTAACTGAA AAAGCTGAAA ATCATGCAAT	660
	AGATGTTTTT AGTGAAAAC TAAGAAATCT ATTACTGCAA CCTCCAATGA AAGGTAAACA	720
	AATATTAGGC GTAGATCCAG CATTTAGAAC AGGTTGTAAA TTAGCAGTCA TTAACCCATT	780
25	CGGTACTTTT ATAGCAAAAG GTGTGATTTA TCCGCATCCA CCAGTTTCTA AAAAAGAGGC	840
	AGCAGAGAAG GATTTTGTAC AAATGGTTAA AGCGTATGAT GTGCAATTAA TTGCAATTGG	900
30	CAATGGTACT GCAAGTCGTG AAACAGAACA ATTTGTTGCA GATTTAATTA AAAAGCATCA	960
	GTTGCCAGTA CAATTCATCA TTGTCAATGA AGCGGGCGCT TCAGTATACT CAGCATCAGA	1020
	AATTGCTAGA GATGAATTTT CTGATTTTCA AGTG	1054

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 557:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1057 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 557:

45	AAATGTCAGA ATACAAGAAA AAAATAATTG AATTAATTGA AAGTAATTTA ACAGGATATG	60
	AAATTTCTAA AAAAAGTGA GTTTCTCAAT ACGTACTTTC ACAATTAAGA CAGGGCAAAC	120
50	GCGAAGTAGA TAATCTAACC CTGAATACAA CAGAAAAATT ATATGAATAT GCCAATAAAG	180
	TTTTGTAATT TAACTAATGT ATAAATTAAT CAAGCTATGT TTATTTGATT TAACTATTAA	240
	TAAAAATCAT ATGGTGAATG GATATTATAA TAATTAAAAT AAAAAAATAG TAGATTCCAA	300

AAGGGAAAAT AAGTGTTAAG TTTTAAATGA TAAAAAAGAT TGGAAATGGAT CGTCTTGAAA 420
 TGCTCCCTTC AAAGTTTTCA TTTTTTCAAT GTCGACTTCG AAGGGGGCAT TTTCATTAAA 480
 5 TGTGTATAGC TTTTATATATT TGTATAATGA ACATATAAGT TTAAGAAGGT GCGAGTGAAG 540
 GAAATAAAAA AGCTCAAATG TACCAAATTG TTAATCTTAA TAAATCTCTA CTTTATAAAG 600
 10 ATTGAATGGA CATTCGAGCG TTAATCAGTC AGGAGGGACT TTCCCTCCTA CAATTTAATA 660
 ATAATACTTG CTTCACTACT ATACAAGGAG TGAGTTGTTA TGTTCAAAGT GAATTATTTCG 720
 ATTTTAAGTT ATTATCCAGA ATATAATATC GCAGTAAGTT GGCAACGTTT AAGAGAAGGA 780
 15 AAAACAATAA AAAACAAGAT TTAATACTGC TCGTCATGA GCGCCTTGAA CATTATTTGA 840
 TGAATAAGTA TAATTTCAAC TATGATTATG CACATAAAAT TGTATCAAAA AAATACGATT 900
 ATTCAATTTT TATAAAAAAG AAGGTGGATT AAATGCTTAC ATTAATAAAA TTGGAAAGAA 960
 20 GATGaACAGG tTATAATATA TGraTATATa CCTGaAGATG aTATAAGTAC CGGGTAAAGG 1020
 GTCCCGTACC TTTTAAATTA AAAAAGTTCC AGGGGGT 1057

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 558:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3754 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 558:

35 CTGTGCTGTA TTACTTTAA TTTGACGACA TTTGACAAGT ATTATGATGG nTGAGTTAT 60
 TTTATGAAAG TAATGTATTA ACAATCGAAT TACTAAGTCT ATATTGGTAG GAATATCGAT 120
 GTTTAGTTTA AATGGAATGC ACTATTTAAG TTTTAAATAT GGAGATGTTT GTGACTTTTC 180
 40 GATGATTAAG ATTTTATAG GTGTGCATCA TTTCAAATAA ACTTTGTGTT TAAAATTGAG 240
 CTTAGGAAAT CGATAGGTTT AGATGAGGAT ATTGTTGAAG TTATGTGTCT TGTATCCTTA 300
 GTTGTATATA AAGCGCAAAA AATAGCACCG CTTTCTCTTT ATCTGTGTAG AAAGGATGCT 360
 45 ATTATTGTAA AACAATAGTT TTAATTTnAT TTTCTGATaT ATCATATGTr ATTcTACCTG 420
 TATCAATTTT TATCGAATTA TAACCATCAA AATTATCAAC TTTATCATCA AAGTCTATCA 480
 CTTTTCCAAT TAATATTTTA TTATTAGTAA GCGTTAATTT GACTAATTTG CCTATGTATG 540
 50 ACTGTAAATT CATATTTAAT CACTCCTTTT TAATATACGG AACTACATGA AAACGAGTTT 600
 TAGAATAATG AACCTTACCT AATTTCGTTT CAATATATTT ACCATTCACA TAAGATTTAC 660

	AAACTGGAAT ATCAATAAAT TCTTTTTTAG TCATCTTTTC ACTTTCATTA GAATCTATTA	780
	TAGTATAACT TGGTAATAAA GATGAATTAT TTTTCTTATT ATTATATTCA TTTGTGCATA	840
5	AAATATGACG CTTTGTCTTA ACATTATTCA ATTTTCATCGT CATTTTACCA TTACTTATCA	900
	TTTCAAGCAT TTCTTTTTTA GCTTTTTGTA GAAAGGATGC TATTTTGTAA TTATTTTAAT	960
	AATCTAATAC TTTTATCTC AGTTTCATCA AACGAATAAA CAGCAAAATC AGTCTGTATA	1020
10	TCTACAACAA GATTTCCTGT TTCGCTCTCG AATTCATTTT CATAGTCAGT TACAAACCCCT	1080
	TCGTATTCTT CATTATTCAA AAGCGTGATA ATAACATCTT TACGATATGC ATCTnCAATT	1140
15	CTCAATACTT TTCACCTACT TATCAATATA AGGTACTATA TGaGcACCTG GTCTTCGAAT	1200
	AATGGCACTT cCCTTCTGG TTTCAATATA CACATTTTCG ATATGTATTT TTCCAATAAT	1260
	TTGATTAAAA TTAATAATCT CTTTCAAATC AAATCGCTCA TCACTTAATA TTAGATTGCC	1320
20	TGTTGACATT TTTTCTCTTA ACAATTCATT CAATAAATCT ATAGAAAGTA TTGTATAGCT	1380
	AGGCAATTTT TTATTATTTA AAATGGCTCT TTTTTTATTT TCATTATATA GGTGATGACC	1440
	TAACATATAT CTATTTTATT TTCCGCAATT TATTTCTATT TTTATTTTAC CATTTTTAAT	1500
25	CATTTCTTTC ATCTGGTTTT TAGCTTTTTc CTGtAATTAT GCTTCTTTTA CTTCTACTTG	1560
	ATATTTACct TCACGCTCTT TAAAGAACTT GTCCCGCCAA TTGCCAACAT GTGGCACTGT	1620
	GGTACTTCTA CACCAAGGAT GCATAGGTGG CGCATTCACT CCTGGTATCA TATCTTTAAC	1680
30	TTTAAATATT TTTCCGTAA GTGAATGACA TAATTTAGAT GTTTTACTAT CTATTTTGGC	1740
	AACATATTTA TATTCGCCAT CTTACCAAG TTCTTTTAAA TATGTTAACT TTTGTGCTTC	1800
35	TGCATTTTCA GTAAATAGTT AAAAAAGCGT ATAAAAATAG CACCACCTTC TCTTTAkCTG	1860
	TCTAAAAAGG ATGCTATTTA TCTTTTGAAT TTGAATCTT TTTGCTTTT TCTATACTTT	1920
	CAAATCTTTC AACTAATTCT TTAAGAGATT CACTCAATTC TTTTGCAGTT ACATTTCCAT	1980
40	CTAATTGTGA ATCTAACATA ATTAAATCA TCTCACTTTA TATTTAATCa TATTTATACT	2040
	ATAAAGTTTT TTCAATAATT TTTCAATATG GCTATCATTa ATGATATTAA TATGCGTAAA	2100
	ATATTTAGCA CAAAATTTAC TCACTATTTT ACCATGAAAC CTATTTGACT TGGTAATAAA	2160
45	TTTTACTTGT CCCTTATTAG TAACGATTGT CATTGATTTT ATTGATGGAT GCTTAAAAAA	2220
	TGTAAATAAA TCATATTCTG AAAATCCTGA CTGTCCAGGA TGGTTATGTA ACATAACAAT	2280
50	TGAATTCGGT TTAAGTTTAA ATAATAATTC GGTTGCTTGT TACCCTGGCA CAAAAGATAC	2340
	ACTATCTTGA TTGACATATA CTTTGTGAAA TTTACCATCT TTTAACAAAT AAGCTACTTC	2400
55	ATTGCTATCA TTGTTTTCCA TGAGATATAC CTCCGTTTAT AGtCTGTCGA CTGATATTCC	2460

GAAGGTTAAA ATTTTAAAG TAAACTTTCT TTATCCCAT GCTACGAGTT CAGATTCAGG 2580
 AAATAGCCCT TTACTAGTAT TTATGTATAT TCTGTCTATG GCATGAATAA AATAATTATC 2640
 5 TCTTGTAATT tTTTCTAAAC TAGATTTTTC AGCATTGATA ACTTCAAGAC TATCTATATC 2700
 CATTTGAATA ATACCAGGCT TAATATTTTC ATCATTATTA GGAAAATATT TATATGTAAC 2760
 ACTTTTATCA TTAATTTCCT TTATTTTAA TATTAGCAAT CATTTCACC TCTAATTAAT 2820
 10 TAAATACTA TAATTATATT TTATTCTGT AAGTTTATGT GCCTCTATAT AGTGTAAT 2880
 ATACTTATTC ATTAGATAGT GTTCAAGAGC TTCATGTTTC TACATTATTA TATCCATTTT 2940
 TTTAATATTT TTCCCTTCTC TTAAACGTTG CCAACTTTGA GCCATATAAA AGTCAGGATC 3000
 15 AAATTGTTA AATCCACTTT CTAATAAATA CTTATTTTCA AATATATGTT CATAAACTCT 3060
 TTGAATTAAA TTTTATTTA TATTAgTATT TTTAGCAATT TTAGAAATCT CTATCTGTTT 3120
 20 ATCTCGATTT CTAAGTGAAT TATAATAAAT TTGAGCATGT CTGTTCTTTT TGATACCGTA 3180
 TTCATCACTT TTATTATTA GTGCACCTGA TTCAATAAAA CAACCTTCTA CTTGATATTT 3240
 ACCTTCACGC TCTTTAAAGA ACTTGCTCG CCAATTGCCG ACATGTGGCA CTGTGGTACT 3300
 25 TCTACACCAA GGATGCATAG GTGGCGCATT CACACCTGGT ATCATATCTT TAACTTTAAA 3360
 TATTTTCCG TTGAGTGAAT GACATAATTT AGATGTTTTA CTATCTATTT TGGCAACATA 3420
 TTTATATTCG CCATCTTCCA CCAAGTTCyT TTAAATATGT TAACTTTTGT GACTCtTCyT 3480
 30 TTTCAACGAA TAATGAAAAA AGCATATAAA AATAGCATCG CTTTCTCTTT ATCTGTGTAG 3540
 AAAGGATGCT TTAATACCaT GCTATTTTAT AATTTTcGGG AAATTcTTGC TTCTCGATAA 3600
 35 AGTCTCTTAC TACAGAAAAA GACTTATTAC GATATAACAT AAAATATTCT TCATTTTCTA 3660
 TTTCAGATAA TGAGAAATCT ATAACCTCTG CATCTTTTTT ATTAAAAGTT ACTGAACCTT 3720
 TACCGTACT TATATCATCT TCAGGTATAT ATTC 3754

40 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 559:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 815 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 45 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 559:

50 ATTTAACTAA AACTATAaAT AATCAAATGA TATTGGAAGA TATTaGCATA GATATCGAAA 60
 AAGGTAAATT GACTTCTTTA ATTGGACCTA ATGGTGCGGG TAAGAGTACT TTACTTTCAG 120

55

CTGATTATAA AAATAATGAC TTGTCGAAAA AAATATCTAT ATTAAAACAA ACAAACCATA 240
 CTGAAATGAA TATTACGGTA GAGCAGTTGG TAAACTTTGG ACGATTCCCT TATTCTAAAG 300
 5 GTCGTTTGAC GAAAGAGGAT CATGATATTG TCAATGATGC GCTAGATTG TTGCAACTAC 360
 AAGATATCAG AAATCGTAAT ATTAAGTCAT TATCTGGTGG ACAACGTCAG CGTGCATACA 420
 10 TTGCAATGAC AATAGCACAA GATACTGAAT ATATTTTGCT AGATGAACCA TTAAATAATT 480
 TAGATATGAA GCATGCTGTT CAAATTATGC AAACGTTAAA AATGTTAGCG CATAAAATGA 540
 ATAAAGCGAT TGTCAATTGTG TTACATGATA TTAACTTTGC GTCCTGTTAT TCAGATCAGA 600
 15 TTGTAGCATT GAAAAACGGA CAACTAGTTA AGTCAGATTT GAAAGATAAT GTCATTCAAA 660
 GTAGTGTTTT AAGTGATTTA TATGACATGA ATATTCAAAT TGAACATATA AGAAATCAAA 720
 GGATTTGTTT ATATTTTAAG GATTGATAAT TTGGAGaCAC TTTAAAGGGG TGATGCGCCA 780
 20 ATTAAAGAAG GGTAAACGT AAAGCATTTA TTTAT 815

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 560:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 919 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 560:

GAAACGAATA ATAAATTTAC TGAGTTATTA GTTGAAAAAG CTAATAAACA TGATGATGTT 60
 35 CTCGATAmGT TGATTAATAT TTTAAAATAA GCGATACACA CTAATAAAAT TGTATTATTA 120
 TTATGTTnAA TTGACnCTC CTAAATTTGC AAAGATAGCA ATTTAGGAGG CGTGTTTATT 180
 TTTATTGACG TCTAACTCTA AAAGATATAA ATTAGACATT TACAAATGAT GTAAATAACG 240
 40 CAATTTCTAT CATCGCTGAT AACAATTCAT GGTTTAATAT GCAATGAGCA TATACTTTTT 300
 AAATAGTATT ATTCACTAGT TTTAACAATC AATTAATTGG TATATGATAC TTTTATTGGT 360
 TATTTTTATC CCATAGTGTG ATAATTACTA TTTTTCATTC ATAATAAAGG TTTAAAGCAT 420
 45 GTTAATAGTG TGTAAGATTA ACATGTACTG AAAACATGT TTAACATAAT GATATAAGGA 480
 GTGACGTACA TGATCCGTCT AGGTAAAATG TCAGATTTAG ATCAAATCTT AAATCTAGTA 540
 50 GAAGAAGCAA AAGAATTAAT GAAAGAACAC GACAACGAGC AATGGGACGA TCAGTACCCA 600
 CTTTTAGAAC ATTTTGAAGA AGATATTGCT AAAGATTATT TGTACGTATT AGAGGAAAAT 660
 GACAAAATTT ATGGCTTTAT TGTTGTCGAC CAAGACCAAG CAGAATGGTA yGnyGACATT 720

TATAAAGGAG CTGCTACAGA ATTATTCAAT TATGTTATTG ATGTAGTTAA AGCACGTGGT 840
 GCAGAAAGTTA TTTTAACGGA CACCTTTGCG TTAAACAAAC CTGCACAAGG TTTATTTGCC 900
 5 AAATTGGAT TTCATAAGG 919

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 561:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 518 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 561:

ATCATATAAA CCGGCTGCTT CTAAAAACGA AAATACTGTT ACTGGACCTA AAAATTTAAA 60
 20 CCCGTATTGT TTTAAATCTT TAGATAGTTG TGTTGCAGTA TCATCAACTG TGATACGATC 120
 AGAAGCATGT TCATACTGCA AATCTTTAGG CTTACCATT ACATATGACC ATAAAAATTT 180
 ACTAAAACTA CCATATGCTT GTTCAATTTT TAAATACCCT TGAGCTTGAT TAACAATTGC 240
 25 TTCTAATTTT TTACGATGAT GAACGATATT TGAAAAAGTC ATTAAGCGGT CGATATCTTG 300
 AGCGGTCATT TGTGCTACCT TTTCTGGTTC GAAATCATAA AATGCTTCTT CATAGGCTTC 360
 TTTCTTTTTT AAAATAGTTA ACCAAGATAG CCCAGCATGT TGTGATTCTA ATGCTAAAAG 420
 30 TTTAAACAAT GCCTTGCnAT CATAGAGCGG TTGTCCCAT ACATGGATCm TGATAGTCTA 480
 AGTAGACTGG GATCTTTAGT ACCAAATGCG CATTCATT 518

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 562:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1539 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 562:

CTTATTTAAA AGTAAATCAA TCAATGTATT ATAATCCGAA TAGTCCGCAT AAAGCTGGTT 60
 45 TGCaGGCAAA tCAATTACTA CAACAAGCAA AAACCCAAAT TAATGCAATG rTTaATTCAA 120
 AAACAAATTA TGATGTTGTA TTTACTAGTG GTGCacTGAA TCCAATAATC TTGCTTTAAA 180
 50 AGGTATTGCC TATCGTAAAT TTGATACAGC GAAGGAAATA ATTACATCCG TGTTAGAGCA 240
 TCCGTCCGTA TTAGAGGTTG TAAGATATTT GGAAGCACAC GAAGGATTTA AAGTTAAATA 300

CAAAGTCGGT TTAGTAACAT GTATGTATGT AAATAATGTA ACTGGACAAA TACAGCCTAT 420
 TCCACAAATG GCTAAAGTTA TAAAAAATTA TCCTAAGGCA CATTTCATG TAGATGCGGT 480
 5 TCAAGCATTG GCACAAATTT CAATGGATCT CAATAACATA GATAGTATTA GTTTAAGTGG 540
 ACACAAGTTT AATGGTTTAA AAGGACAAGG CGTCTTACTT GTAAATCACA TTCAAAATGT 600
 TGAACCAACT GTCCATGGTG GTGGTCAAGA ATATGGTGTT AGAAGTGGAA CAGTTAATTT 660
 10 GCCAAATGAT ATTGCAATGG TTAAAGCGAT GAAGATAGCT AATGAAACT TTGAAGCATT 720
 GAATGCATTT GTTACTGAGT TAAATAATGA CGTCCGTCAA TTTTAAATA AATATCATGG 780
 15 AGTTTATATT AATTCTTCAA CTTCAGGTTT ACCATTCGTT TTAAATATTA GTTTTCCTGG 840
 CGTAAAAGGT GAAGTATTAG TTAATGCTTT TTCAAAATAT GACATTATGA TATCTACGAC 900
 AAGTGCTTGT TCATCTAAAC GTAATAAATT AAATGAAGTA TTGGCTGCAA TGGGATTATC 960
 20 AGACAAATCT ATTGAAGGTA GTATAAGATT ATCATTGGG GCTACTACAA CTAAAGAAGA 1020
 TATAGCGAGG TTTAAAGAAA TATTTATCAT CATTATGAG GAAATTAAGG AGTTGCTAAA 1080
 ATAATGAAGT ATGATCACTT GCTTGTTAGA TACGGGGAGT TAACATTAAA GGGTTCAAAT 1140
 25 AGAAAGAAAT TTGTAAATCA ATTAAGAAAT AATGTAAATA AGTCaTTAAA AGGACTTGAT 1200
 GGGTTTGTG TTAAGGCaA ACGAGATCGT ATGTATATTG AACTTGAAGA CCATGCaGAT 1260
 ATAAATGAAA TAACATATCG ATTATCAAAA ATTTTCGGTA TTAAATCTAT TAGTCCAGTA 1320
 30 TTAAGAGTAG AAAAAACAAT AGAGGCAATA AGTGCAGCGG CAATTAAATT gCGCAGaATT 1380
 TGAAGaAAAC AGCACATTTA AAATTGATGT GAAGCGTGCC CGATTAAAAT TTCCCCAATG 1440
 35 GATACGGTAT GGAATTACAG CGTGAATTG GGGTGGTGCC AGTATTGGAG CACTTCGCCA 1500
 TATTTCCAGT GGATGTCCAA CGTCCCAGnC CCAGGAATT 1539

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 563:

40 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 968 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear
 45

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 563:

50 ATAnCGTATA CATGTGTTCT TTAAATTTGT GATAAGGAGT TTAGGATGGT TTATTTAAAA 60
 TCAATAGATG CCATTGGATT TAAGTCTTTT GCAGATCAAA CCAATGTTCA ATTCGATAAA 120
 GGTGTAAGT CAATTGTTGG TCCAAATGGA AGCGGTAAAA GTAATATTAC AGATGCTATT 180
 55

ATCTTCTCAG GTGCAGAACA TCGCAAAGCT CAAAATTATG CTGAAGTACA GTTAAGATTA 300
 GATAATCATT CTAAAAAGCT CAGTGTGTGAT GAAAACGAAG TTATTGTAAAC AAGAAGATTG 360
 5 TATCGAAGTG GTGAAAGTGA GTACTACATA AATAATGACC GTGCAAGATT AAAAGATATT 420
 GCCGATTAT TTTTAGATTG TGGATTGGGA AAAGAAGCGT ATAGCATTaT CTCGCAAGGT 480
 AGAGTTGATG AAATACTAAA TGCTAAACCA ATTGATAGAC GTCAAATTAT TGAAGAATCG 540
 10 GCTGGTGTAC TTAAATATAA AAAACGTAAG GCTGAATCAT TAAATAAACT TGACCAAACA 600
 GAAGATAATT TAACGAGAGT AGAAGACATT TTATATGATT TGGAAGGTCG CGTAGAACCT 660
 CTAAAAGAGG AGGCAGCTAT AGCTAAAGAA TATAAGACAC TTTCACATCA AATGAAACAT 720
 15 AGTGACATTG TAGTTACAGT sCACGATATT GATCAATATA CAAATGACAA TAGACAATTA 780
 GATCAACGTT TAAATGATTT ACAAGGCCAA CAAGCAAATA AAGAAGCTGA CAAGCAACGT 840
 20 TTAAGCCAAC AAATTCAACA ATATAAAGGT AAACGTCATC AACTTGATAA TGATGTTGAA 900
 TCgCTTAATT ATCAATTAGT AAAAGCTACG GAAGCCTTTG AAAAATATAC GGGACAATTA 960
 AATGTTTT 968

25 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 564:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 436 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 30 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

35 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 564:

TTGTGTGTAT GCATTCAATG TGCTCTGTTT GTAAATGGCT AGCTATATAA TTTAgGATTC 60
 GAGGATCGTC ATCGACAACA AGACATTGCA CCATAGCTAT AACTCCCTT ATCTTTTTCA 120
 40 TTTATTATAC ATGTAAAATA TTTTTCGTA AAAAAACAAT TGTTCAATATT GAGTTCATAT 180
 TTCAACCTTA TACTGACGCT AAAGAAGAAA TAGGGAGAAG TGAATCGATA TGAAATTAGC 240
 GATAAAAGAG ATTATGTTTT ACAAAATTCG TTATATTTTA ATCACATTAA TCATTCTTTT 300
 45 ATTAAGTATT ATGGTGTTAT TTATTAGTGG TTTAGCTCAn GGGCTTGGTA GGGaGAATAT 360
 TTCGTwATTT GAACACTTTG GATAATGATG aaTATGtTGT TCaAAAAATG AAAGAGCCGC 420
 aAATTGaGAA ATCGCA 436

50 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 565:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2554 base pairs

55

(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 565:

	ATGTTTTGTC AATATCAATT GTTGAGATA AATCCGCTTG TATAAACGA ACTTTATCAT	60
10	CATTAAATTT GCTAGTTAAT TCATTTATAT CAGTACGATA ATATTGCACA TAAACTTCAA	120
	ATCCATCAGT TAATAATTGT TTGACTATCT CAGAACCAAT TGAACCAGAA CCACCTAATA	180
	CTAATGCTTT CATTACTTTT TAATCTCCAA ACGACTATCG ACTTGCTGAT CTAAATTTAA	240
15	ATATAACGAT GACGTTTCGT TAATACTATC TAACGTGATA TTTTCAACAA TGTCTAACAT	300
	GTCAAACACG CTAACACCTT CAAAATACAA TTTACTATAT TGATTAGCAA TATATTGAGG	360
	TGAGTTTAAA CTTGATATGA ATTACCTAT AAATTGCTTT TTCAAAAGTT CAAATGCTTC	420
20	TGCATCTTGG AAATGCGCTT TTTATCACG CAACTCATCT AATAATAATT TTTTAAATTT	480
	ATCTGGTTCT TCAGTAGCAC TTGTCACGAT TGAAAACTA TACGTCGGCT CTAGTACAAA	540
25	TTGATAACCA AATGTATCAT CGATAAGTCC TTCGTTTAAAT AAATTCTGAT AAAAATCTGT	600
	TTCTTCCCCA AAAATTAAT CAAAGAATAA TGACATTTCT AAATCACGTT GTACATATTT	660
	TTGAGGCGCT TCTTGAATG GTTTATTTTT AAAACCAAGC ATTAGTCTTG GTGATTGAAT	720
30	TTTCATAGAT TCAGTAACAA ATGCTTCTTT AACATCCTCC GGTTCATCAA CAAGTCCTCG	780
	TTGATTTTG GGTGGTTAA CTTTATTACG AGCATCCTCG TGTGTTTTA CTATTCgACA	840
	TATTGCTTCA GGATCCACAT CGCCAACAAC AAATAAAACC ATATTTGATG GATGATAAAA	900
35	CGTTTCATAA CATAGATACA AATCATCTTT TGTAATATCG TATATACTTT CTACACTACC	960
	GGCAATATCA ACACGTATTG GATGTTGTTG ATACATTGCA CGCAATGTAT TaAACATTAA	1020
	TTTATATCCA GGTGCTCTT GaTACATTTT TATTCTTCT GCAATAATAC CTTTTTCTTT	1080
40	ATCAACAGTT TCTTTTGTA AATAAGGCGT TTCaACCATT GTAAGTAAAC GTTTAATGTT	1140
	GTTTTCAATA TeATCAGTTG CACTGAACAA GTAGCTTGTA CGATCAAAGC TTGtAAACGC	1200
45	ATTTGCTTGT GCGTTATCTT CAGCAAACGC AGTAAATAAG cTTCTTCTC TTTTTCAAAT	1260
	AATTTATGTT CcTAAAAAGT GAGCAACTCC ATCAGGTACA GTAACAAATT GGTCTTGTC	1320
	AAGGGGTTG AATTGATTAT CTAATGAACC AAATTGTGTA GTGTAAGTGA CAAATGTCTT	1380
50	TTGAAAACCT GGTkGGGGA TAATAAATAA TCGTAAACCA TTTTCTAATt CTTGTTTCGAA	1440
	tACTCTTTTCG TCTATTAATT CATAATAACG CTCTTTCATT ATTTATCCCC TCCTTTTGTC	1500
	AACACATAGA TtGTATCTAA AAATGCTTTT TCAGCAACAG AAACAATATC TTCGCGACTT	1560

55

TTATGCATAA TCTCTATAAT ACTTTTCGGA CGATCTTCAG ATTCATATCG ATGAGAAATG 1680
 ATTACTTTTT TAGCTAACTC TAATTTTTCT TCACTGAAAT CTCCTGCTTT TATTTTTTCA 1740
 5 AATTCACCTA TAATAGTGTC TTTTGCAGTT TCGTACTTAT CACTTGAAAC CCCACTCAAA 1800
 ACAAATAAAT AGCCATTTTT GCCATCAATT TGTGAATGTA TAGAGTACGC TAAACTTTGC 1860
 10 TTTTCTCGCA CTTCAATTAAT TAAACAGAT GAAGGATCTC CTCCAAACAT CATGTTAAAT 1920
 ACAACAAAGG CAGCATATCC ACTTTGTCCA TATTGTGTG GAAAACGGTA TCCCATATTT 1980
 AATTTAGCTT GATCCACGTC ATCATATTCA ACAATATAAT CAACTTCTTC ATCGTGTAAT 2040
 15 TGATGAGTAG AATGTTGGAA TTGATGTTTA TCGAATGGTT TAAGTGCAA TTTTTCACGT 2100
 ATTTGTTTTCT CAACACTTTC AGGTCTACA TTGCCGACAA CATAACAGA ACATTGATCA 2160
 TTATTAATCA TTGATTGATA TGTATGATAT AGTGTTTCAG CAGTAATATG TGGGATTTGT 2220
 20 TCTAGTTGTC CTGTAGATAA GTATTATAT GCTTCATTTT CAAACATATG GTCGAGTAAT 2280
 TTTAAAACG AATATTGTGC TTTATTATCT ACCATTGCTT CTATTTTTTT GGCTAATAAT 2340
 GTTTTCTCTT GGTAAACAAA ATTATCATTG AATGCTTTAT TTTCAATTAA TGGATTCCAA 2400
 25 ATGATTCTT GtAATAAATC TAATCCTTGa TTAAATAATG AwTCACCGkT TCyTAAATAA 2460
 CGkkCaTTAA caATTyCTAA tGaAAATGtA ATgACaTGCT GaTCTTTGAA TTTTGAAATT 2520
 30 GTACTATTCA CATACGCACC ATATAAATCG GCTA 2554

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 566:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1424 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 566:

TnTCGCTATT TThAATTGGT TTTGTATGGT TTAAGTTATA TCAATATACA ACAnACCCTA 60
 45 AAGCTGATAT CCCAGGTATC ATTTTITAGTA CGATTGGTTT TGGTGCTTTG TTATATGGTT 120
 TCTCAGAAGC TGGCAACAAA GGTTGGGGTT CAGTAGAGAT AGAAACAATG TTTGCGATTG 180
 GTATTATCTT TATTATTCTA TTCGTTATTA GAGAATTAAG AATGAAATCA CCAATGTTGA 240
 50 ATTTAGAAGT ATTGAAATTC CCaACATTTA CATTAACAAC AATTATTAAT ATGGTTGTAA 300
 TGTTAAGTTT ATATGGTGGT ATGATTTTAT TACCGATTTA TTTACAAAAT TTACGCGGAT 360
 55 TcTCAGCATT AGATTCCGGA TTGTTATTAT TACCTGGTTC TCTAATTATG GGTCTACTAG 420

TTGCTGTAAT GACTTATGCA ACATGGGAAT TAACTAAATT AAATATGGAT ACACCATATA 540
 TGACAATCAT GGGTATCTAT GTACTTCGTT CATTTGGTAT GGCATTTATA ATGATGCCAA 600
 5 TGGTAACTGC AGCTATTAAT GCGTTACCGG GACGACTTGC CTCTCATGGT AATGCTTTCT 660
 TAAATACGAT GCGTCAATTA GCAGGCTCTA TAGGTACAGC AATCTTAGTT ACTGTAATGA 720
 CAACACAAAC TACACAACAC TTATCAGCTT TTGGGGAAGA GTTAGATAAA ACGAATCCTG 780
 10 TTGTACAAGA TCATATGCGT GAATTAGCAT CACAATATGG CGGACAAGAA GCGCAATGA 840
 AAGTGTTACT ACAATTTGTA AATAAACTAG CAACGGTTGA AGGTATTAAT GATGCATTTA 900
 15 TAGTTGCAAC GATATTTAGC ATCATCGCCT TAATTTTATG TTTATTTTTA CAAAGTAATA 960
 AAAAAGCAAA AGCTACAGCT CAAAAGTTAG ATGCAGATAA TAGTATCAAT CATGAATAAA 1020
 TAAATAAAT TAATTGAAGT GTGACTAATC AAAAATTATG TTGTGGGGAC ATGATTTTTA 1080
 20 AAGTATCGGT GCCAAATATG GTTATCGATA CTTTTTTTAT TTGTTGATTT ATAGAATGTT 1140
 AGAGGAATTA TATTAAAATT TGGCATTGAC GTAGTAGGTC ATTAATAAAG AAAAAGCAGG 1200
 AAGTGGGTCA ACGAAATGAA TTTTGTGAAA ATAACATTTT TGTCCCAATC CCTACTATAT 1260
 25 AACATTATTT TAAACGAGGC ATGCGATTAC GGAAGAATAA GCTTATAACA AGTAAACCGA 1320
 TGCTACAGCC AAGTAAAATG ATGCCGTTAT GAATAGCGTC ACTTgCTGTA ATCACTTGAT 1380
 30 CTGGTGGTAC ATTTAAATAA TATTTTTTGA AAACATCTGC AATT 1424

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 567:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 676 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 567:

TCTCCCATGT TCTGCTAAAT GACGCATCAC TTTTACTTCA TGAGGCGTCA ATACACGTCC 60
 45 TTCACCAGCA TTCAAACCGA CAACATTTAA AGGCCATAT TCAATACGAG ACAGTTTCGT 120
 CACTTGATGA CCAAAATGTT CGAACATTCT TCTGACTTGG CGATTACGAC CTTCTGTAAT 180
 TGTAATTTCA ACCAATGTTG TGTTTTTATC TTTATCTTGT TTCTTAACTT TCACTTCAGC 240
 50 CGGTTGCGTC ATACCATCTT CTAATTCAAT ACCTTTTCT AGCGCTTTCA CTTCTTCTCT 300
 CATTAAATAA CCTTTTAATT TCGCAACATA TTTTTCCTTA ATTTGATATC TTGGATGTGT 360
 CATTAAATTA GTAAATTCAC CATCATTTGT GAGTAATAAC AATCCAGAAG TATCATAGTC 420
 55

ACGTCCTCTA TCATCAGATA CACTTGtKAT CACTTGAGTT GGkTTATGGA AkAAAATGka 540
 AAtTTTGTCT TCTAGTTCTA TTTTAATACC TTCAACTTCA ATCGTATCTG ATGGCTTCAC 600
 5 TTTTGTTCCT AATTCAGTGA CAGTCGTACC ATTCACTTTC ACTTTTCCTT CAGAAATTAA 660
 AGTTTCTGCC TTACGT 676

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 568:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 454 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 15 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 568:

20 GAAACGGTTC TACCAAAAAA CAGTAAGGGC TAAACCCAAT CATGGTAAGA CAAAAAGTAC 60
 AAATAGCCAT GCCCAAGTTG AACTCGCTGT ACGCCTATTT CTTTCTAAAA AGATAATAAT 120
 AAAAGCCAAT ACTAAATTAA TGATGAATCC AATGGCTAAA ATAATAGTAA ATAACGTTCC 180
 25 TAAATCGTTT GAAAATGTAA ATCGCATAGT CTTTCTCCTT ATAAAGAAAG GCACAAAAAA 240
 ACATTTTGCA CCTTTCACGT CATATTATTT ATTCACAGAT AAAGTTAAAA TTGCATTGAA 300
 TTCTTCTTCA TTATTTGGGA ATGTTCTTTC TTCTATTTCT TTAATAGTAA TATTTACTAA 360
 30 TTTTAAATTT GTAGCTTCTT CAGAACTTAA AAAAGCATTAA ATGTTTTTTT CTAATAACTC 420
 KAAAGTCTCA GCTGtAAAaG TTTTAAGTTT AATT 454

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 569:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 894 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 40 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 569:

45 ACGATATTAC CACCCTCTGA AATAACATCA ATCATGTGAT CTGTAAAGTC CCAAGGATGA 60
 CTGTGTGTGA AACGAACTCT TGGAATCGCT ATTTTAGAAA TTGCTTGTA AAGATCTCCT 120
 50 AAGTCATATT CTATATCCTG TAAATCTTTA CCATAAGAAT TTACATTTTG ACCTAAAAGC 180
 GTTATTTCTT TGTAACCTTC ACGAGCAAGT TCACGTAATT CATCTATAAT GTCTTCAGGT 240
 CTACGGCTTC GTTCTTTACC TCTTGTAAT GGAACAATAC AATATGTACA AAACCTTATCA 300

TCAATAACGT CTCCTTCTTT AGACCATACT TCAACAACCA TTGCTTTAGA TAAGTATGCT 420
 TCTTCTAAAA TTTCTGGTAA ATGATGAATA TTATGTGTAC CAAATATCAT ATCTACATTT 480
 5 TGATACGATT TTAAAATTTT ATTCATACT GACTCTTCTT GTGACATACA ACCACAAACA 540
 CCGATTAAAA TATCAGGTCG TTCTTTTTTC AAATrCTTCA AATTACCTAT TTCACTAAAC 600
 ACTTTGTTCT CGGCATTTTC TCTAATCGCA CATGTATTAA TTAAAATAAC ATCTGCAGTG 660
 10 TTAATATCAG TCGTkGCTTG aTAGCCTAAT GCyTcmAGTA TACCAGCAAT GACCTCAGTG 720
 TCAATGTGCAT TCATTTGACA TCCATATGTT TTAATTAAAA ATGTACGCTC GTTCCCCATA 780
 CCGCGATATT TTyCATCAAT TtGGgAAATC nCTATTATAA CGAACTTCTk GTtTACCnCC 840
 15 TTTTTTnCGC TCCTTTAAAA TTAAGGCGGC TGATAACAG GTCCAAAATA TTAC 894

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 570:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 441 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 570:

TATCAATCCC ACAGCACATG CTGAACAAGA TCAACATGG GAGAAGATTA AAGAACGCGG 60
 TGAACCTAGA GTGGGTCTTT CTGCAGATTA TGCACCAATG GAATTTGAGC ATACAGTTAA 120
 TGGTAAGACT GAGTATGCAG GTGTAGATAT TGATTAGCT AAAAAAATTG CGAAAGATAA 180
 35 TAATTTAAAA TTAAAATCG TCAATATGTC ATTTGATAGT TTGTTAGGAG CTCTTAAAC 240
 TGGAAAAATT GATATTATTA TTTCCGGAAT GACTTCAACG CCTGAACGTA AGAAGCAAGT 300
 TGATTTTTCa GATTCAATA TGATGACTAA AAATATCATG CTTGTAAAGA AAGATAAAGT 360
 40 TAATGAATAT AAAGATATcm AAGACTTTAA TAATAAAana GTnGGGGCAC AAAGGGACTG 420
 AACCAGAAAA AATCGCTCAA C 441

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 571:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1205 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 571:

	AAGTCGTTCA TCTTTTCTA CAAGGGTGTA AAAATAATCA ATCATATCGT ATAACGCTTC	120
	TTTACCAATG ATGTCATATG GTGTTGTGT CATTTAATCA CCCATTTTCA AAAATTTACT	180
5	GTTACGAACT TAAGTTAATA TATAACTAAT ATAACATGAT TTAAACATT TGAAAGAAAT	240
	ATGCATATTT GCCAATTTAA TTTATATTGT TTGAAAGTGT TTCTTTTTTC TTGAAAAAAC	300
10	GTTGAACTTT ATTTAAAGGT tGATGATGTT CGAGGTTTAG TTCGTTtAAT AAAGATtGGA	360
	ACTTTTGTAACCTTGATTA TAGTCTTTAA CTTCGAACTC TAACTCATAA TCCGTAGTAT	420
	CGAAATACTC ACTTTTATCT AAAACCAGTA AATCACCTTT ATATTTAGTT TCTTGGCGAT	480
15	ATGTCGTTAA TGCACCAAGT ATTGATAAAG TTGTATCTTT TACACCAAAC TGTCAACTA	540
	TAATTTGACG AATGTCATCT GGAAGATTGT CGTTTGAAAT AATCAAGTTC ATCTCTGGTT	600
	TAATGTCGAC GATATAGTTG TATTCTAATA GACCAACCTT TGCTGGTGTC TTAAAGTCA	660
20	TTTCATATTG ATTGTCTTTA ACTCTTATGC GTAGTGCAGA GCGATGTTCC TTTAATTGA	720
	AATCGGGTGT ATCAATATAG TAATTGACTT GCTTAmAAAG CACACTGTCT TTAAAATATT	780
25	TCTCTTGCAA TTTATTATAG ATTGATGCAG TTATCATTG TtTAAATTCT ATtTCATGAT	840
	TTGTTGCCAT GATATGTATA CACCTCGTAT CAAATTCAAT TTATCTTAAC TATATTATGA	900
	ATGACAAAGT TGAATTTTAA AAGTAATTTT CTTTATCTAT TATCAATGTT AATTTGACCA	960
30	TTAAAATAG TGTTGTAAG TGTTTGTAT TATTGaATTG TGTTAAAATG TTATGGAATA	1020
	AGAGGAGGAT TAAGCATGsG TTTWTATATT AATGAAATTA AAATTAAAGA TGACATACTT	1080
	TATTGTTATA CAGAAGATTC TATTAAAGGA TTATCTGAAG TAGGACAAAT GCTCGTTGAT	1140
35	AGTGATAATT ATGCCTTTGC GTATACATTA GATGATGGTA AAGCGTATGC TTATCTCATT	1200
	TTCGT	1205

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 572:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 570 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 572:

50	TGAAGAAATA GCAATGATGA AATGCCGTAT GTTATATGAG ACGGGGTCAT TTCTTGAATT	60
	AAGAGAAGAA ACAATTGTCT TATTGAAAAC TGGCATACAA CAATATGATG CATTGATGAT	120
55	TTATTACGTG AAAAGTTTGA TTGGTTTGGG ACAATATTTT GAAGCGGTAG AAGTAATTCA	180

ATTTGCTAAG TCAAAATTAA TTGAAGATGA AAAACGATTG ACTCAGTCAT TAGCTGATTT 300
 TGrTACGTTA TCAATGAGGG AACAGACGCA CTTGATTTTG AAGTTAATAG ACAATGGTCA 360
 5 TTTTCAATTT CAAGAAACGG TATTATATAT ATkAAaAyCT AATaCGTACa GTtATAACCT 420
 CATTAGTTTA ATGATTGAGT ATTAAAGGTT CGCAAATTGT ACACAAGAAC TGACAATTGA 480
 AAAGTATGGT ATGGATGTAA CTTTGTACC AGCTAATTTA AAAGGGCTAG AACATACAAC 540
 10 ACTTAAAGAA AAAGTTATAC CTAACGTTAT 570

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 573:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 939 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 573:

GTTGAATGGT TAGCAGCTGC AGTTGTATTA TATTTCTGTG GTGTAATTGT TGACGCTCAT 60
 25 GTATCATTCA TGTCCTTTAT TGCAATATTT ATCATTGCTG CATTATCAGG TTTAGTCAGC 120
 TTTATTCCTG GTGGTTTCGG CGCTTTCGAT TTAGTTGTAT TACTAGGATT TAAAACTTTA 180
 30 GGTGTCCCTG AGGAAAAAGT ATTATTAATG CTAATTCTAT ATCGTTTTGC GTACTATTTT 240
 GTACCGGTAA TTATTGCATT AATTTTATCA TCATTGAAT TTGGTACATC AGCTAAGAAG 300
 TACATTGAGG GATCTAAATA CTTTATTCCT GCTAAAGATG TTACGTCATT TTTAATGTCT 360
 35 TATCAAAAGG ATATTATTGC TAAAATTCCA TCATTATCAT TAGCAATTTT AGTATTCTTT 420
 ACAAGTATGA TCTTTTTTGT AAATAACTTA ACGATTGtKt ACGATGCTTT tATATGATGG 480
 AAATCACTTA ACGTATTATA TTCTATtGGC AATTCATACT AGTGCTTGTT TATTACTTTT 540
 40 ACTGAATGTA GTTGGTATTT ATAAGCAAAG TAGACGTGCC ATTATCTTTG CTATGATTTT 600
 AATTTTATTA ATCACAGTGG CGACATTCTT CACTTACGCT TCATATATTT TAATAACATG 660
 45 GTTAGCTATT ATTTTGTTC TGCTTATTGT AGCTTTCCGT AGAGCGAATA GGTTGAAACG 720
 CCCAGTAAGA ATGAGAAATA TAGTTGCAAT GCTTTTATTC AGTTTATTTA TTTTATATGT 780
 TAACCATATA TTTaTTGCTG GAACGTTATA TGCATTAGAT ATTTATACGA TTGAAATGCA 840
 50 TACATCTGTA TTGCGCTATT ACTTCTGGCT TACGATTTTA ATCATCGCTA TCATCATAGG 900
 TATGATTGCA TGGTTGTTTG ATTATCAATT TAGCAAAGT 939

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 574:

(A) LENGTH: 1059 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 574:

```

10 GAATTAATTA AATATTACAC ACAGCCTCAT TTTTCATTTT CAAATAAATG GCTATATCAA      60
   TATGATAATG GAAACATTTA TGTGAACTT AnGAGATATT CATGGTCAGC ACATATATCT      120
   TTATGGGGCG CTGAAaGTYG GGGAAATATT AATCAGTTAA AAGATCGTTA CGTAGATGTG      180
15 TTTGGACTAA AAGACAAAGA TACTGATCAG TTATGGTGGT CTTATAGAGA GACATTTACA      240
   GGTGGCGTTA CACCAGCCGC AAAACCTTCT GATAAACTT ATAATCTTTT TGTGCAATAC      300
   AAAGATAAAC TACAAACGAT TATTGGTGCG CATAAAATAT ACCAAGGCAA TAAACCAGTA      360
20 TTAACATTGA AAGAAATCGA TTTCCGTGCA CGAGAAGCGT TAATAAAAAA TAAATATTA      420
   TATAACGAAA ATCGTAATAA AGGTAAGCTT AAGATCACCG GTGGCGGTAA TAACTACACT      480
   ATTGATTTAA GCAAAAGATT ACATTCAGAT CTAGCAAATG TTTATGTTAA AAATCCTAAT      540
25 AAAATAACTG TTGACGTCCT CTTTGATTAG TATATGAAGG TGACTTATAC TTCATGCACT      600
   TTAATTCCAA ATCAGATTAT TTAAATGATA ATTTTAAAG TGTATGATGT ATATAATAGG      660
30 TAAAATTTTC TATATATTTA AATGGAATTG GGAGTAGGAA TGTGACAGAA ATAGTATTTT      720
   ATAAAATTTA TTCtTGTCAC TCCCCAACTT GCACATTATT GTAAGCTGAC TTTCCGCCAG      780
   CTTCATGTT GGGGCCCCGC CAACTTGCAT TGTCTGTAGA aTTTCTTTTT GAAATTCTCT      840
35 ATGTTGGGGC CCCGCTATA ATTGAAAAAT GCTTGTTACA TGGGCATTTT CATTCGGTCA      900
   ACTACTACCA ATATAATATT GtAGaGCCTA AGACATTGAT TTATTATGTC TTAGGCTCTA      960
   TTCCTTCATT TAATGATTAA nTTATTATAG CAATACTTTA TTGTCCCATG ATTAGTGTTc      1020
40 TTTTAATGAG ACATAGTAAC TATAAAGTTT AATAATCGT      1059

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 575:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 574 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

50

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 575:

```

55 GTTTGCTTTA GGTCTGTTT CATATTTATA CTTCGAAGGA TTTACCTTTT TGaAGTCTGG      60

```

TTCAACTkGC TTTTATTCT TTTGAAATC AGCTGGTTGA GTAGTTATGA GTTCATTATT 180
 TTTATTAGmA TAAATCTTAC CATTAAACATA TTTATAATCT TTTGTTATAA AGTCACCATT 240
 5 TCTGAATGGA ACTACTTGAT TATGACCTTT AGAGAATAAA TCAGTACCGA ACATTAAATA 300
 GTTCTTCGTA TCTATACCAG CCAAATGTAA AATTGTTGGC ATTACATCGA CTTGACCAGC 360
 ATATTCATTA TTGATACCAC CAGATTTACC AGGGATTTTA ATCCAGAAAC CAGTTCTGTT 420
 10 TAAATCTGTA AATTTAGCCG GTGTGATTTT TTCACCTAAT AGTTTTTCCA TGGCATTGTT 480
 ATGGTTTTCA GAGATACCAT AGTGGTCACC ATAAATCATA ATCACTGAAT TGTCATATAA 540
 15 TCCTTTTTTC TTCAAGTCAT TAATATATTC TTCT 574

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 576:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 796 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 576:

CAATGTTTTA TAGTACAATA TATTTTnAAT AATACTCGTT AAGGAGAATG ATATGATATC 60
 AATTCACGCA ATTTGACAG GAAAAATCCA AGATTGCTT TATAGCTCGA AAAGACCGAT 120
 30 GCGCTCTGCT TTAGATAAAA CTAAGATTTT ACAAACAACA TGGTTATCTT CAACTGGTTT 180
 CACTGGTGAT GAACAGGCTT ATAAAGATCA TGGTGGACCA CATAAAGCAG TTTGTGGGTT 240
 TAGTAAGCAT AATTATGCAC TGTATCAAGA TGATTTACCT AACTACCTA CTCATGCGAT 300
 GTTTGGAGAG AATTTAACAT TTGATTATTT AGACGAATCT GATGTTTACT TTGGTAATCA 360
 ATATCGTTTA GGTGAAGCGT TAATTGAGGT TTCTGAAATT AGAGAACCAT ACTGGAAAAT 420
 40 TCAAGCAAAA TATAATATTC CTGATTTAGT GAAGCGCATG TCTACATCTG GTAAAACAGG 480
 TTTCTATTTT CGGGTATTAA AACAAAGGCTA TGTATCTCCA AATGATCAGC TTTACTTAAT 540
 ACRAGAAGCA CCAATCGAAC ATCGTTTATC TGTACAACAG CTTAATGACC TTTATTATAA 600
 TGATAGACAA AATCAAGaTA TGTTACGATA TGCACTAAAC AATCCATTTC TGTCACCAAC 660
 AAGACGCGAT AAACCTCAAA AAATGTATAA CAGAACATTG GAAATAATTA CCTTTCATTn 720
 50 ATAAGTGTTA AATGAACTTT TCAAAACaNA AAGGAATCAA CTTACACAT CGTTTGTATG 780
 AATAGTCTTA TCTATA 796

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 577:

(A) LENGTH: 1095 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 577:

10 AGAAATTATG ACAAATATA AAGATGGAAG GTTAGTTTAT GCATCAGTCG AACCAGGATC 60
 TTACGTAATA CATAAGATG ATGCAATTAA ATATGACGAT TATTCTAAGT TAAAAAATT 120
 AAGTCAGCTA ACTAACTTG ATCATCCAAA ACCAGTTCCA TATAGCGTAc TCAAATCAAA 180
 15 TCTTTCGGAG TACCTTTAAC AAGCGTTTCA TTTATGACAC ATGGATCAAA GGATACTAAA 240
 GATGAAGTGT TGCCGGCATT GGCCTATTTT ACTTTTTTAC CAAAAAATTA TGAAGACAAG 300
 TCTAATCCAG ATCCAAAAGT TTAAATTTA GTACATATGG ATTTCTTAAA TGCATCTAGT 360
 20 GATTTTGGTA ACGCACATTT TGTGTGTTTA AGTAAATATA TTAAAGAGTA TGAATCAAAC 420
 TATGAAACAG CGTCAGATGA TTCTTTAAAA TAGTATTTAC TGTGTGAAAA ATAAATAGTG 480
 TACTACATTA AATAATCGCA ATAATAATCC CGATAAACA TCAGCATTAC TGCTTATCAC 540
 25 ATAGAGTTCT TAATAACTAT AACTCTATGA TTCGCAAATA ATAAATGATT GTCATCGGGA 600
 TTTATTTTTT TCAATTTATA AAGTGACATT ACCTTGTTCA TCAGCAGGTT TGAAAAAGT 660
 30 AATCACTGCA CTAATAATTG CTAAAATGTG TGGGATACCT GTCCAACAGA ATATTAAGTG 720
 TAGAATACCT TGCATATTCT TGCCGGCATA AAATTTATGA ATACCAAAC TACCTAAGAA 780
 CAATGCTAAT AAAATATAAA TAACTTTGTT TACTTGCAAT TCTTCCCTC CAGTTGAATT 840
 35 GCTTATAATG ACATTAGCTT CTCTTTTTAT TATACCCACT TTTAGTTCAA ACATTCTAGT 900
 TTAAGCATTC CCAATCATCT AAATTTTCA GTTCAATCC TTACAATAAA TTTAGGATTA 960
 CATTTTCA GTTGCATTGATT ATTTTACGTG TGAAATATAC GTAATGAATC ACATGACAAy 1020
 40 CTyCAAATTG AAAAATATAC ATTCTATGAT GTAAGGTCGC ATTTTTAATA TATTTACGTn 1080
 AAAATAGTTT GGATG 1095

45

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 578:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 489 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 50 (D) TOPOLOGY: linear

50

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 578:

55

ACTGCCAAAA TAATCATAGC CATGTTCTAC AGCTGCTTTC GCTACAATAT CCAAACGCAT 120
 TTCAAAACAA GCGGTACAAC GTAAGCCGCC TTCTTTTTCa TCAGCTAATT CTTTATCCTT 180
 5 CACCATTTTC ACAAACCTAT GTGGTTCATA AGGTGCTTCA ATATACTTCA CATTCCGACC 240
 AGTCTTGCGA TTAAAATCTT CCACAAATTG TTCTTGCACT TTAGCACGTC GTAAGTACTC 300
 10 ATTTTTCGGA TGAATATTG AATTGCGGAA ATAAATTGCA ATGTCTGCAT ATTGTGTAA 360
 AAACCTAAT GTATATGTAC TACAAGGTGC ACAACAATA TGCAATAAGa TTTTAGGTCT 420
 GATTGCTTCT CTTTCCCACT GsCCGATTAA TnTCTTCAAC ACCTTGTCa TAATTAATTT 480
 15 GTnGATTn 489

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 579:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1287 base pairs
 20 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

25 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 579:

CGTACTGCAT CATTGTGTA AAAATTGCA AACTTCTTCA AGATGTTATG GCTTAGACTT 60
 AAAGCGATGA AGCACTACAA AGCCTTAAAT AAAGAATCTA AGAAGCAAGA ATTTGAAAAAT 120
 30 TCATTCAAAG ATGTTCAAAA AATTATGCGT ATTGTGAATC ACAATATTAT TTTACGCTTA 180
 AAAGAAGAAC AAAATAGTAC AAATGTACTT GAGGTTAGCT TAGTCATTAA TCATTACTAT 240
 35 GATATGAGTC GCTCATTAAA GTGGCGTGCA CAACGTCGAA AAGAACGTCA AGAAAACAGC 300
 AATCAAATCA TACCGCAAGC TATGTTCCAT AACCACAAAT TGGAAGCATT GTACTTACAA 360
 CGTCATCTTT TAGATGAATT AATTGCGAAA AATAAAATCA ACAATATCGT TGCAGCTCAA 420
 40 ATTCGAGAAA ATATCAATTa CAACGAAATT GTCTTGCTTT TACAGTCCAA ACATTaAGCA 480
 AGaCwTaCaw TmCCCCCGTA CATATGAGAC AAAGTCATTA TCATCTCATA TGTACGGGGT 540
 TTTTATATTC AACATCAAAA AATCAGATTG ATGAAAAGTA AATAACCTTT CATCAATCCG 600
 45 ATTTGATTAT AGAATCTATT TTTAAGTTT AAATGGAATT GTACATACGT TAACATTCTT 660
 TTGATAAATT AAATACAATT TCATACGCAA ACTAGTTTGA TTGTGTAATA AATTATGCCA 720
 50 ACGTTTCTTA GTAATAAATT CTGGTATCAC TACTGTAATC ATATAGTTTT GATCGTTGGC 780
 TTTACGATTA ATCTTATCGA TAAACGTGA AATTGGTCGT ATAATACTGC GATATCCGA 840
 ATGTAAAATA ACTAATCTTA CATCTGGGAA ATGACGTTTC CATTCTCTT GGAATGCTTT 900

55

TGCGTAATAA ATAGACTTAT CAACTGCTGT TGTAATACTT GTTATCGGCA CAATTGCTAA 1020
ATTACGATCT ACCACGTCCA CATTAGAAGAAC ATCAATGTCA GAACGTAATT GTTCTGCGAT 1080
5 ATCTCGATAA TGkTTGkTAA TTTTCAAGAA GAAAATCACC ACGAACGGCA AGAAAATAAG 1140
TATCGGCCAT ACTTGGCTAA ATTTAGTTAT GAGTAAAATC cATAAnAACA ATAAATGTCA 1200
10 CGATACCACC AAGTAAGTTC ACAGACAACT TACTTAACCA ATTCTTAGGA CGTTCATGAA 1260
TCCATTTAAT AACCATACCG AATTGTG 1287

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 580:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 1223 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 580:

GCCTCCTTTC CTATATCCAT GGGTGTCTTA GTTGGGAATG GCTTATTCCC TATCCCAAAC 60
25 ATCTGTCAAT TCAAGACTAT CACTGTATAC TAAATCGCCT nTCTATACnT CCATnCATTT 120
CATTTTCCAG TTGGAACAAT TTGTTTAATT ATTTTAAATA TCATTATCAA TCCAGAAGTA 180
30 TTTACTATTTC ACTTTTACAA TAATCAATCA TTTAACTACA CATGGGTAGT CGGTGGTTTG 240
CTTGGGGTTA GCTTTTAAAC TGGCAATTTA TTGTTATTGC CAAAATTAGG TGCAACATTA 300
ACTGTAATTG CAACAGTTGC GGGTCAAATT ATTATGGGTG TCATTATTGA TACATTTGGA 360
35 TTATTTGGCG CTACAATTCA TGATTTTAAT TTAATTAAAG CAATTGGAGT ATTGTTACTC 420
ATTGTCGGCA TCGTCATAAT GAATCAATTT AACAAGAATA ATTTATTACT AACTGATCAA 480
AAGTATTTAC TGTTTTGGCT TCTATTAGGA TTTATTTTTG GTTCTTTTCC ACCTATTCAA 540
40 ACGACAATTA ATAGTGCTTT AGCTAGTCAT ACTCATTAC CAGCCTTTGC ATCATTAGTA 600
TCATTTACAA TTGGGTCAAT AGCGCTATTG ATTTTAAACG CTATTTTTAA TCGTTCCTTA 660
AAACTAAAAA CAAGTCATTT AAAATTCGGT AAATTAAAGC CTATCTATTT TACTGGCGGT 720
45 ATACTTGGCA TGGCTTTTGT AACAGCTAAC ATTATCTTAA TGCCTCATAT GGGTGCAGCA 780
TTAACAACAC TTATTGGGAT GTTGGCCAG ATTCTAATGG GCATATTGAT AGATCACTTT 840
50 GGATTATTTG GTTCACCTAA AATAGCAATG ACATCCAGAA AACTATTGG TCTATTATGT 900
ATTTTGACAG GCATTATACT TTTAAGATTA TTTTAAATTA ACTTTTAGCT TATCATTTTA 960
ACTTGTAATT ATTTTTAAAA GTGATAAGCT ATTTTTTTGT GGTCTAAAAA TCTTTAGAAA 1020

CAACTCATTTC TTAAGACCTA AATTAATGTT ATnTTTTTAAT AATTTACACC AAATTAATAG 1140
 CAAAAATTAT GTTATTCGTG CTAATATTTTC ATAGTTGGTT ATTCAATTAA TTAAAAATAA 1200
 5 GTCAAAATGC ACAACTTTTT ATn 1223

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 581:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 454 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 581:

CACCTTTTTTA TCATGCTTAG TTATCAATAA ATCTATATTT TGCTGTTTTTA CAATTTTTTTT 60
 20 AACTTTIATCA ATCTCATTAT CTGGACTAA ATAAATATAT GATCTTGCAT CTGTTGCTAG 120
 AGCTTGTTTCG TGTTTTTCTG ATAAACATA TGTGATGGAA GCGTGAATAA TAATGCCTAA 180
 TGTAACAAAA CTGATAATTA ATATACTGCT TATCAATAAC ATTAAGCGGT GGTGAAACTT 240
 25 CATCATTGTT CTTTAGGTCT TTCCAATTTA TAGCCTAAGC CACGCACAGT TTTAATAAGT 300
 TGTGGCTTCT TAGGATTATC TTCTAATTTA TCTCTTAAAT GACTGATATG TACATCAACA 360
 ATTCTTGAGT CTCCTGCAAA TTCATAATTC CATAACGTAT TTAACATATG CTCTCTCGTA 420
 30 ATGACTCTGC CTTGTCTTTC TATCAAATAA AGCA 454

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 582:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 452 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 582:

TTTATAAGAT TTTATTTACA AATAATTGGT TTTCATATGT ATAAACACTT TTGACTTTCA 60
 45 AATCTTAACG ATAATTCTAT TACAATACAA TCCCCTATTA GAATGATTTA TGTAATAAAA 120
 AAAGCGGAGT TTCCCCCAGC TTTTCTAAAC GACTACATAA AATATAAGAT TGCAATTAAA 180
 TGCAATAGTG ATGCTATTAC AATAAAAAATA TGCCAAATCA TATGAAAATA TGGTCTATTC 240
 50 TTTTGTGCAT AAAACCATGC ACCAATTGTA TAAGACACAC CACCTAAGAA AATGAATAAT 300
 ATGAATATCC ATGATGTGCG AATAAAAAATA ATTGGTAACA AGATAATACC TACCCAGCCC 360

AAAATCCCCC AAAGTGTCTG TCCCCATAAT AA

452

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 583:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1472 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 583:

15	CGCTTTTTCG AATAAGTCAT TAGCCGCTTT TAAGCCTTCT TCTTTTCGAT CTACAACAAG	60
	TAAATAAAT GGCTTTAACG CTTCTTCTTT TTCACTTTCAGCATATCTG GTTTTTGAAC	120
	CATTTCAAAT GGAGATTTCATCCATTATT ATCGCTCATT TCAATAATTG CATCATACTG	180
20	TGCTTGTGAC ATACTTGCAA TAGCCTGTTT TGCATTTTCT TGAAGGAAAT ATAAGTTTTT	240
	CAATTTAGGA TGCTTATTTA ATGTACTTAA TGTAATCCGGT GTAATGTCTT TCTCATAAGA	300
	CACTTCAATC ACTGTACTAT TTGTCTTACC AGGAATTGGT GGTTTTTCAT GAATATGCTT	360
25	TGATACTTCT CCAATTCCAA CGACAGATTG ATTTTTCGTT CGATTATAAA AAATAATATT	420
	GTCGCCTTCT TCTAACTGAG TATAAAAATG ATAACCATTG CGTTTAATAC CGTTGTACGT	480
	GTGCGTATAA ATCGTATATT GGTTTCCAGG TTCAAATTCT TCAGTTTCAG CTAAAAAGAA	540
30	ATAACGCGGT ATCTTAATTT CGCCTTACC AAGACCACTT ATTAAATCAA ACTCTTCTGC	600
	AGTGATTGGA TTGAACAATG TCTCTTTCAT ATnACTTATA CGAAATCCA AAGCTTCACT	660
35	ACGCTTTAAA TAATCTGCTG TTAATGGTTT CAATTGTTCAT TTAACCGAA ACTGTACACG	720
	TATTTTATTT TGTGCACCTG TTTCAACACT AATAATTTCAT CCACATCCAA GTAGTCCAGT	780
	ATCCGTCTGA ACTTGATAAA AGATGACTTG ATCTCCTACT TTAGCCTTTT TAAACGCTCT	840
40	AAATCCTTGA GATGGGTAA AATGTGCGCC TGATTCAAAT AAAGCTGTTT GTCCTACTAA	900
	CGGTTCATTA TGATTCCAAC GGTATATATCC ACAATTCAAC CAAAAATAAT TCGTTTCTGC	960
	TGTCATCTTA ATACTCCTTA ACCTGAATAA ATTTTAGAAA CACTATGAAT TACATTCTTT	1020
45	tAGTGTTCCT TATGCACTG GACGCGTATG CGAACAACTG TATACCCTTT GTTCACTGCG	1080
	ATTTAATCG CATTTCCTAT AACATTGTAG CGCCCAGGAC ATTAATTTAC GTCCCAGACC	1140
50	CTTATCGTTT TCACTTCTAA GTAAGTCGAA CTATTTTGCT TTACAACAAG TGCGAUCTA	1200
	AATACAGTTG GACACACATA CGAGCAACTG TATACCTTTT AATCAGTTT CTATATTTTA	1260
	TTTATTATAT CTGTCTTAAT GATAAAAATT GTTACAAACA GTTTAACATA TTTAGCTACC	1320

ATGATAACCAC TAIGCTTGCh TATCTCTATA GCGCCATTGA TACACATTTT TAAATATCTA 1440
TACTGCCCGTT AGAATTTTAT CATGTCThAA TT 1472

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 584:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 787 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 584:

GGTAGTGAAT GGGGTTCAAG ACAACAGTAT TGGAAGTACG AATGAATCAC AGTTTTTAGG 60
AAATTATATT GTAATTAAGC ACGCAGAAAA TGAGTATAGC TTAATAGCTC ATTTACACCA 120
ATATTCAATC ATTGTGAATG AGGGGCAAAA TGTTAAATAT GGTGATATCA TTGGGAAGGT 180
TGGGAATTCT GGCAATTCTA CTGAACCTCA TATACATTTT CAAGTAATGA ATGATAAGAA 240
TATTGAAGCA TGTACATCTT TAAAAATTCG ATTTATAAAT AATCGAGAAC TTATCAAAGG 300
GGATGTGGTC TCGCGATTAC AAGCTGAATG ATGGCGATAC TTATAAAATC TCGACACTAT 360
AAAAATGGTA TAGTGTGAG ATTTTCTTGC TTATTTAGTT AATTCAAAGT GCACGCCGGA 420
TTCATTAGAA GTCGACGTAT TTTTGTGTTG AATAGAGTAA CCGGTCATTG AAATTTTAGA 480
TTCAATATCT GAAGCGGAAT TTGTAGATTC AGGATTATAG AAGCTACATT CATAAGTGTT 540
ATCATCTTTC TTTTAAAGTA TAAACATACC TTTGGCTTTA ACTTCGACTT TAGTGTGTTT 600
AATGTCAAAA GTTTGAGTGC TATTACTATA ATTAACACCA GCCCAAACCG ATTCATTATC 660
TTTCACAACG GGGAAGTCAT CTTCTTGCTT AACGACGThA CTTCATCTTT CTCTGTCTTA 720
AAGACATCTT TAGATAAGCC TGGATACAAC ACATATCCAT ATTTATTGTC AGAATTAGAA 780
TGCTTTT 787

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 585:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 830 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 585:

ATGCTAAATT AGGGGGAATA TTTACGATAA AGAGACCAGA AAAATAATAA AACACATGCT 60

TAAAAATGAAG ACTATTTTTT ATTACAAGAA AATGTATCTA GTAAACTTAA AGTAGCAAGA 180
 CCTAATAAAT TTAATGCATG TTGTGCACCT TTTTACCTT GGCCAGCTTC GAAATGTTTG 240
 5 TAAGCAGCTA CACTTAAAAAT GCCTATCGTT GATAGTGATG CAAGGCGAGA AATGTTTTTA 300
 TTGATAAAGC TAGCTGAGTA TAAAGCAGCA GTAGTTGCTT CTGCAATGCC GACGTATTTT 360
 ACAAGTTCTT TTTGCAAGCC AAAAGTATGT TCAAACAGTT CAATCATACC CTTATCTTCT 420
 10 TGCAATTTAG GTTTACTGGC TTGGTATAGC TCTTTCGCAA GTTTTAAATT CGTTGCGTAA 480
 CGCAAAATCA TATTTAATTC CTCCCAATAT TTGATTTTTT GTGAAAGATG ATTACTTTAT 540
 CATTTTTACC CGTTTCTATA AAAATGAATC AATTATGTAA CGTATGTGTA GTTTAGGAAT 600
 15 GTTTGCTATG GAAATATAAT TCTGTTCACT CAAATGTAT GAAATTAATG TGTAGTTTTG 660
 TCGAGTTGCT CTTTTAATTT GGTTAGATTG TTTTTTAGAG AAGCGGTACT ATTTTAAAGT 720
 20 GCATCAACAG ATTTACCTTC GTTTTGAGAC ATTGAGTTTA TTACAGCAGC AAGTTCTGTT 780
 TCTAGTATGT CaGCGTCGct TTAGCATTAG AACTTAaTat TTAtAcTCTT 830

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 586:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 412 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 586:

35 TTAGGACGTT TTTACAATCA GTACAATGAG CTCATTGTTA TTAGTCCTTT AACGGCGTCT 60
 TTTAATGCTG GCGCTACATT TGGGCGATT CATCATTTAA TTGATACTGA AACTTTAGCA 120
 AAATTAGAAC ATGAAAAAGG ACATTATTAT CAGAAGATGA TATGTGATGA CAATGTAGAA 180
 40 ATGATTTCTA TAAATAACAT ACCGAAATAT CCGAGAAATC ATAATGTATT AACTAATCAT 240
 GACTCATACG AATATTCAAT GAATTTAGGA AGTAGTAATA GTTATTCAAA GTATGAGCTT 300
 ACCTTAGATG ATATTTATGT TGGTGCTACC TTTtAACAAA TTATATTTAT ATTCTAGCCm 360
 45 ActAAATAAA AGGGkaCtaT TTGaATCaAA CmATatGtAT TAACCTTTTT TA 412

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 587:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 4709 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 587:

	TTCAGTTTGA AATTAATCAT ATAAATTTCT TATGGGAGGG TTGATATCTT AATGATTAAAC	60
5	ATTATTTTCTAG CTATAGGATC TATTGGAACA TTTATTATGG CTTTATTTTA TTTTGTATCA	120
	GTTTCAGTTC AACTTTATCA AATGAAAATT AGCTTTCTGC CAGCTTTAGG TTTTAACCAA	180
	ATTTTATTAG AAAGGGAGGA GGATCAACTT AATATAATGA ATTCGGCAAC AGAAGAGCAT	240
10	CATCATAAAG ATTATATTAA ACTATATAAT TTAGGTGGCG GTGCTGCTAA TAAAATTGCA	300
	ATAGAGGTTT TATTGGGGAA GGATAFAGTC ATTCAGAAAA AATACGTGCA TATTKTACCT	360
15	AGTAAAGAAG GGTACATGTT ACCAATTAAT AAAAATGTGT ACGAAGAATT AGAAAGAACG	420
	ATTGASAACA ATGGTCATGA AGCTGATTTG AATGTACGTA TGACTTATTA TCATAATGTA	480
	AGTCGCAAAC AACAGGAACT TATATTAAAA GGTCAAATCG ACCGTTTTAA TACTTATAAT	540
20	AATAAAGAAA TTTATGATTT GCAGTTTATC TAAAAATTGA TTTAAGAGGG TAGTTGTTTA	600
	TTGCGAAAAA TATCATTCAA TTTTAATGAA ATAATGGCGT CATTACTATA AAATATTACT	660
	TTATGTTGTA ATGCATTTTT CTATAAGATA GAACTAAAAG GAGGGGCAAA GATGCAAATT	720
25	AGACAAATAC ATCAACATGA CTTTGCTCAA GTGGACCACT TAATTAGAAC GGCATTTGAA	780
	AATAGTGAAC ATGGTTATGG TAATGAATCA GAGCTAGTAG ACCAAATTCG TCTAAGTGAT	840
30	ACGTATGACA ATACCTTAGA ATTAGTAGCT GTTCTTCAA ATGAAGTTGT AGGGCACGGT	900
	TTACTAAGTG AAGTTTATCT TGATAACGAG GCACAACGGG AAATTGGATT AGTGTTAGCA	960
	CCTGTATCTG TTGATATTCA TCATCAAAAT AAAGGTATTG GGAAGCGATT GATTCAAGCA	1020
35	TTAGAACGAG AAGCAATATT AAAAGGATAT AATTTTATCA GTGTATTAGG ATGGCCGACG	1080
	TATTATGCCA ATCTAGGATA TCAACGCGCA AGTATGTACG ACATTTATCC ACCATATGAT	1140
	GGTATACCAG ACGAAGCGTT TTTAATTAAA GAATTAAAAG TGAACAGTTT AGCGGGAAAA	1200
40	ACAGGTACCA TAAATTACAC ATCTGCTTTT GAAAAAATAT GATTTCAAGC TAGGATTACA	1260
	TTAGGTAGAG TTCATATTAA TAATAAAAAA TGTTTGCAAT CAAATCGTAC GTTGTCGTTT	1320
	GTAATTCTTA AAATAGCAAT AAATAAAATG TTTGTTAGTA AAGTATTATT GTGGATAATA	1380
45	AAATATCGAT ACAAATTAAT TGCTATAATG CAATTTTACT GTATAATTCC ATTGACAGAG	1440
	ATTAAATATA TCTTTAAAGG GTATATAGTT AATATAAAAT GACTTTTTTA AAAGAGGGAA	1500
50	TAAATGAAT ATGAAGAAAA AAGAAAAACA CGCAATTCGG AAAAAATCGA TTGGCGTGCC	1560
	TTCAGTGCTT GTAGGTACGT TAATCGGTTT TGGACTACTC AGCAGTAAAG AAGCAGATGC	1620
	AAGTGAAAAT AGTGTTACGC AATCTGATAG CGCAAGTAAC GAAAGCAAAA GTAATGATTC	1680

55

	GTCAAACACT AATAATGGCG AAACGAGTGT GGCGCAAAAT CCAGCACAAC AGGAAACGAC	1800
	ACAATCATCA TCAACAAATG CAACTACGGA AGAAACGCCG GTAACGGTG AAGCTACTAC	1860
5	TACGACAAACG AATCAAGCTA ATACACCGGC AACAACTCAA TCAAGCAATA CAAATGCGGA	1920
	GGAATTAGTG AATCAAACAA GTAATGAAAC GACTTCTAAT GATACTAATA CAGTATCATC	1980
10	TGTAAATTCA CCTCAAAATT CTACAAATGC GGAAAATGTT TCAACAACGC AAGATACTTC	2040
	AACTGAAGCA ACACCTTCAA ACAATGAATC AGCTCCACAG AGTACAGATG CAAGTAATAA	2100
	AGATGTAGTT AATCAAGCGG TTAATACAAG TGCGCCTAGA ATGAGAGCAT TTAGTTTAGC	2160
15	GGCAGTAGCT GCAGATGCAC CGGTAGCTGG CACAGATATT ACGAATCAGT TGACGAATGT	2220
	GACAGTTGGT ATTGACTCTG GTACGACTGT GTATCCGCAC CAAGCAGGTT ATGTCAAAC	2280
	GAATTATGGT TTTTCAGTGC CTAATTCTGC TGTAAAGGT GACACATTCA AAATAACTGT	2340
20	ACCTAAAGAA TTAACTTAA ATGGTGTAAC TTCACTGCT AAAGTGCCAC CAATTATGGC	2400
	TGGAGATCAA GTATTGGCAA ATGGTGTAAT CGATAGTGAT GGTAATGTTA TTTATACATT	2460
	TACAGACTAT GTAAATACTA AAGATGATGT AAAAGCAACT TTGACCATGC CCGCTTATAT	2520
25	TGACCCTGAA AATGTTAAAA AGACAGGTAA TGTGACATTG GCTACTGGCA TAGGTAGTAC	2580
	AACAGCAAAC AAAACAGTAT TAGTAGATTA TGAAAAATAT GGTAAGTTTT ATAACCTATC	2640
30	TATTAAAGGT ACAATTGACC AAATCGATAA AACAAATAAT ACGTATCGTC AGACAATTTA	2700
	TGTCAATCCA AGTGGAGATA ACGTTATTGC GCCGGTTTAA ACAGGTAATT TAAAACCAA	2760
	TACGGATAGT AATGCATTAA TAGATCAGCA AAATACAAGT ATTAAAGTAT ATAAAGTAGA	2820
35	TAATGCAGCT GATTTATCTG AAAGTTACTT TGTGAATCCA GAAAACTTTG AGGATGTCAC	2880
	TAATAGTGTG AATATTACAT TCCCAAATCC AAATCAATAT AAAGTAGAGT TTAATACGCC	2940
	TGATGATCAA ATTACAACAC CGTATATAGT AGTTGTTAAT GGTCATATTG ATCCGAATAG	3000
40	CAAAGGTGAT TTAGCTTTAC GTTCAACTTT ATATGGGTAT AACTCGAATA TAATTTGGCG	3060
	CTCTATGTCA TGGGACAACG AAGTAGCATT TAATAACGGA TCAGGTTCTG GTGACGGTAT	3120
45	CGATAAACCA GTTGTTCCTG AACAACTGA TGAGCCTGGT GAAATTGAAC CAATTCCAGA	3180
	GGATTCAGAT TCTGACCCAG GTTCAGATTC TGGCAGCGAT TCTAATTCAG ATAGCGGTTT	3240
	AGATTCGGGT AGTGATTCTA CATCAGATAG TGGTTCAGAT TCAGCGAGTG ATTCAGATTC	3300
50	AGCAAGTGAT TCAGACTCAG CGAGTGATTC AGATTCAGCA AGCGATTCCG ACTCAGCGAG	3360
	CGATTCCGAC TCAGACAATG ACTCGGATTC AGATAGCGAT TCTGACTCAG ACAGTGACTC	3420
55	AGATTCCGAC AGTGACTCAG ATTCAGATAG CGATTCTGAC TCAGACAGTG ACTCGGATTC	3480

CGATTCTGAC TCCGACAGTG ATTCCGACTC AGACAGCGAT TCAGATTCCG ACAGTGATTC 3600
 CGACTCAGAT AGCGATTCCG ACTCAGATAG CGACTCAGAT TCAGACAGCG ATTCAGATTC 3660
 5 AGACAGCGAT TCAGATTCAG ATAGCGATTG AGATTCCGAC AGTGAAGTCAG ATTCCGACAG 3720
 TGAAGTCGAT TCAGATAGCG ATTCAGATTG CGACAGTGAC TCAGATTCCG ACAGTGACTC 3780
 AGACTCAGAC AGTGATTCCG ATTCAGCGAG TGATTCCGAT TCAGATAGTG ATTCCGACTC 3840
 10 CGACAGTGAC TCGGATTTCAG ATAGCGACTC AGACTCCGAT AGCGACTCCG ATTCAGATAG 3900
 CGATTCCGAC TCAGATAGCG ATTCAGAAATC AGACAGCGAT TCAGATTCAG ACAGCGACTC 3960
 AGACAGTGAC TCAGATTCAG ATAGTGACTC GGATTTCAGCG AGTGATTTCAG ACTCAGGTAG 4020
 15 TGAAGTCGAT TCATCAAGTG ATTCCGACTC AGAAAGTGAT TCAAATAGCG ATTCCGAGTC 4080
 AGTTTCTAAC AATAATGTAG TTCCGCCTAA TTCACCTAAA AATGGTACTA ATGCTTCTAA 4140
 20 TAAAAATGAG GCTAAAGATA GTAAAGAACC ATTACCAGAT ACAGGTTCAG AAGATGAAGC 4200
 AAATACGTCA CTAATTGGG GATTATTAGC ATCAATAGGT TCATTACTAC TTTTCAGAAG 4260
 AAAAAAGAA AATAAAGATA AGAAATAAGT AATAATGATA TTAAATTAAT CATATGATTG 4320
 25 ATGAAGnAAc rCCTTAAAG GTGGCTTTTT TACTTGGATT TTCCAAATAT ATTGTTTGAA 4380
 TATAATTAAT AATTAATTCA TCAACAGTTA ATTATTTTAA AAAGGTAGAT GTTATATAAT 4440
 TTGGCTTGGC GAAAAAATAG GGTGTAAGGT AGGTGTGTTA TTAGGGAAAA TTAAGGAGAA 4500
 30 AATACAGTTG AAAAATAAAT TGCTAGTTTT ATCATTGGGA GCATTATGTG TATCACAAAT 4560
 TTGGGAAAGT AATCGTGCAG GTGCAGTGGT TTCTGGGGAG AAGAATCCAT ATGTATCTAG 4620
 35 TCGTTGAAAC TGAATAATAA TAAAAATAAA TCTAGAACAG TAGAAGAGTA TAAGAAAAGA 4680
 TTGGATGATT TCAATATGGT CcNTTCCCA 4709

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 588:

- 40 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1554 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 588:

CTTTTTTAat TAwCgGaAtA TTGtCaTgaT tAcAcTTCGt TAGGGTTTAc gTCGtAATTT 60
 50 CATTTaataA gCgCTTCAcC ATTAAAtGTG gTAmCCTTTA ATTCGCCAGT AGAAACATCA 120
 CAGTAACTAA GCGCAATTTT AGGTTGATTG ATAACAAAAC TTAAATATA GTTATTTTGT 180

CGTCTAACCA TACCTTTCGT TTGTTTCGGA TCTTCCATCT GTTCACAAAT AGCTACTTTA 300
 TATCCATTAT TAACAAGTGT ATCTATATAA CTATCTGCAG AATGATACGG AACACCACAC 360
 5 ATCGGAATTG GATTTTCTTT TTTAGCATCT CTTTtagTta AAGTAATTTc AAGTAyACGT 420
 GATGCCTCCT TGGCATCTTC ATAAACATT TCATAGAAAT CACCTAGTCT AAAAAATAAT 480
 AAGCAATCTT GGTATTCTGA TTTTATTTTT AAATATTGCT GCATCATTGG TGTAACATTA 540
 10 GACATATTAT TTCTTCACAA CCCTGTCTC TTTTAAAAT TTGTCTTTAC AATATATTCG 600
 TTTGTAAGyT TTTTAATTAT TAATTATTTA ACTTATACAT TTTAACATAC TTACTTTTAC 660
 15 AAACCTATTC ATACCATATA ATCAGGAAGC ATCTTAAATG TATAAGAAAA CGCCTCAAAC 720
 CTAATAAAAT GTGTCAATAG CATGTTTAGA ATTAAATTAA AATTCTAACA TTCAAGACAT 780
 TTAATTAAGT AAGGGCGTTC AATATTAAAA TGAACAATGA CTCTGTTTGA AATCATATAT 840
 20 CATAAAATTA TTTTATAAAC CTTTGAAGAA TACCACGTTT TTTTAGAGTA ATTAATAAGA 900
 AATAACTTAT AATAGATCCG ATAGCACTTG aGACTATGa CGTAATCATT AACGGTTTAA 960
 TGAAGAAGTC TTGAAGCCCA AGGaAATATG CTAATGGtAT aCaAATTAAA cTTCCgATGA 1020
 25 CaCCAGTTCC aAGTACTTCa CCGACCGCGG CCaTAAATAT ATGTTTACGA TAtnyGTAAA 1080
 ACATACTAGC CAATAAAACT CCAATCATAC TACCCGAAA TGCAAAAGst GTACCAGTAC 1140
 CAAAAAGAAC TCTTAAATTT GATGATATAA GCGCTTGAGC TAATCCATAC CAAGGACCTA 1200
 30 CTATGACCGC ACTTAATACA TTTACAAAAT GCTGTACTGG TGCTGCCTTA ACTGGTCCTA 1260
 GAGGAATGAT GATAACTAGT CTTAATACAA CATTTATTGC AATTAAAAGT GCAGTTATAG 1320
 35 CCAGTTTCTT TGATTTTATA TGATTGTCTT CTTTTTTGTT TGTAATTAAT CACTATGCTT 1380
 GGCTTTATTA TGGTCATTTA AACGTGTTTC CATTGTTGAT ACAAACATTT TCAATAAITG 1440
 ATTCGCTTCA TATTGTGAAG TTTGAAACTG TTCAACTATG GGCAATGTAT TTATTTCTGC 1500
 40 TTCTATACTC TGAATGGtAT GTTCCGACTG nTCCAGCGCA TTTGTTTCCC GnAA 1554

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 589:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 45 (A) LENGTH: 638 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

50 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 589:

TTTTGACGAA AAAAGTTGAT TTACAAATAT ATAAACGTTG TGATTTCAAT GTTTGTATAG 60

55

TATATACATG ACAGCAACTT GGGAAAAAAA GGAAGGTAAC GAAGGTTTAT TAACTGTTAC 180
 TGTTCTCTGCA GAAAAAGTAA ACAAAGCrCT GAGAGATCCC CTCATAATTT CCCCAAAGCG 240
 5 TAACCATGTG TGAATAAATT TTGAGCTAGT AGGGTTGCAG CCACGAGTAA GTCTTCCCTT 300
 GTTATTGTGT AGCCAGAATG CCGCAAAACT TCCATGCCTA AGCGAACTGT TGAGAGTACG 360
 TTTTCGATTTT TGA CTGTGTGTT AGCCTGGAAG TGCTTGTCCC AACCTTGTTT CTGAGCATGA 420
 10 ACGsCCGCAA GCCAACATGT TAGTTGAAGC ATCAGGGCGA TTAGCAGCAT GmTATCAAAA 480
 CGCTCTGAGC TGCTCGTTTCG GCTATGGCGT AGGCcTAGTC CGTAGgCAGG ACTTTTCAAG 540
 TCTCGGAAGG yTTCTTCAAT CTGCATTGCG TTCGAATAGA TATTAACAAG TTGTTTGGGT 600
 15 GTTcGAATTk CAACA_rGTaA GTtAGtTGCT AGAnCCCA 638

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 590:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1242 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 590:

AAAATATTCC CGTACATTTT GATGTCTGTA GGGGCTTTTT TGACTTTAGG ATTTGTCATT 60
 30 TTTTCAATTC ATAAAGGGAG ACGAACGAAA AATGAATCAG CACGTAAAAG TAACATTTGA 120
 TTTTACTAAT TATAATTACG GCACATATGA CTTAGCAGTA CCAGCATATT TACCGATAAA 180
 AAACCTTAATA GCTTTAGTAT TGGATAGTTT GGACATTTCA ATATTTGATG TCAATACACA 240
 35 AATTAAAGTG ATGACGAAAG GTCAATTACT TGTTGAAAAT GATCGACTCA TTGATTATCA 300
 AATCGCTGAT GGAGATATTT TGAAGTTACT ATAGGAGGGA AAATAGATGG TTAAAAATCA 360
 40 TAACCCTAAA AATGAAATGC aAGATATGTT AACGCCTTTA GATGCTGAAG AAGCAGCTAA 420
 AACAAAATTA CGCTTAGATA TGAGAGAGAT TCCTAAGTCT TCAATTAAAC CAGAACATTT 480
 TCATTTAATG TACTTATTAG AACACATTC TCCATATTTT ATAGATGCTG AATTAAGTGA 540
 45 ACTACGTGAC aGTTTCCaAA TACATtATGA CATTAATGAc AATCATACAC CTTTTGATAA 600
 TATTAAATCA TTTACTAAAA ATGAAAAATT ACGTTACTTA CTCAATATCA AAAATTTAGA 660
 AGAAgTAAAT CGTACACGCT ACACATTTGT GTTGGCACCA GATGAATTAT TTTTCACAAG 720
 50 AGATGGATTA CCCATTGCTA AAACAAGAGG GTTACAAAAT GTTGTGATC CATTACCTGT 780
 GTCAGAAGCT GAATTTTTAA CAAGATATAA AGCGCTGGTT ATCTGTGCAT TCAATGAGAA 840

AACTAAAGTT ATTGAAGCGG CAACGTTAGA TTTACTAACG GCATTTTATG ATGAACAGTA 960
 TCAGAAACAA GAACAAGATT ATAGTCAAAA TTATGCATAT GTACGCAAAG TAGGACATAC 1020
 5 CGTTTTCAAA TGGGTTGCTA TCGGTATGAC AACGTTAAGT GTTTTATTAA TTGCATTCTT 1080
 AGCCTTTTAA TATTTTTCAG TAATGAAGCA TAATGAGCGC ATTGAAAAAG GATACCAAGC 1140
 ATTTGTAAAG GATGtTATAC GCAAGTACTA AATACGTATG ATGATTTAGA TGGTaAAAAat 1200
 10 TgaTAAAGAG GCACTTTTACA TTTATGCCAA AAGTTATATC CA 1242

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 591:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 744 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 591:

TTCCAGATAG AGCCTTAGTT GCTGCCGCTG AATTGTCTGA TCGTTACATC ACTGATCGTT 60
 25 TTTTACCAG ATAAAGCGAT TGATTAGTT GACCAAGCAT GTGCAACAAT TCGTACGGAA 120
 ATGGGATCAA ATCCAAGTGA ATTGGATCAA GTTAATAGAC GTGTCATGCA ATTAGAAATT 180
 30 GAAGAAAGCG CACTTAAAAA TGAATCTGAC AATGCGAGCA AACAGAGATT ACAAGAACTA 240
 CAAGAAGAGC TTGCCAATGA AAAAGAGAAA CAAGCAGCAC TTCAATCTCG TGTAAGATCA 300
 GAAAAAGAAA AAATAGCAAA TTTACAAGAA AAACGTGCGC AACTAGATGA AAGTAGACAA 360
 35 GCGTTGGAAG ATGCACAAAC AAATAACAAT TTAGAAAAAG CTGCTGAACT ACAATATGGA 420
 ACAATTCCTC AATTGGAAAA AGAACTTAGA GAATTAGAGG ATAATTTCCA AGATGAGCAA 480
 GGTGAAGATA CAGATCGAAT GATTCGTGAA GTTGTAACAG ACGAAGAAAT TGGCGATATT 540
 40 GTCAGCCAAT GGACAGGCAT ACCAGTTTCA AAATTAGTTG AAACAGAACG TGAAAAATTA 600
 CTTCACTTAA GTGACATCTT GCATAAACGT GTTGTAGGTC AAGATAAAGC GGTGACCTG 660
 GTTTCAGATG CAGTAGTTAG AGCAAGAGCA GGTATTAAAG TnCAAACAGA CCTATTGGTA 720
 45 GTTTCTnATT CCTAGGTCCn ACTG 744

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 592:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1449 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 592:

	TTGTTATAGT GTCTGAATCT GTGTAAGTCT TGCCCATGTG TTCTGAGTAA AGCACCCACT	60
5	GTTTATTAC TTTTCGTTGT AGTCTAGCTT CGTGTAGTAG TTTGTTTAAAC TTTTGTGCTG	120
	ATATACCGTA GTCTGCCGCG ATTTGAGTTG TGGCTAATGT GCCAGTTGAT TTTAAGATTT	180
	CATCAACATA ATCTGCTTTG GGTTTTAGCT CTCCAATTC TTGTTGTAAA AGTAAGTTTT	240
10	GCTCTTTTTC TTTCTTATAC TCAGTCAACA CTGTAATGAT GTAGTCTGGA TCTTTTAATG	300
	TTTGTTCAT TACATTGTCT GTTGCCTATA TACCGTGTTC GCGAATAGCT GGTaGGACAT	360
15	CTGATGTTAC CCAGCGTTTG AATTTTCTAG CGGTTTCTCT AATTTTTCG TTTTGTCTTT	420
	GTTTAGAAGC ATCGAAGATT AGACTGTATA ATCCTGATTC GTTGATAATG ATCATATTTT	480
	TGTTTTGACC TGATGCACTA AATTGGTGCG TCAGTTTGTC CTCGCTATCA ACATGATTTT	540
20	TAATGGCATT GTCTGATCTT GCATATCCTA AAATCTCAGC AATATCTTTT CCTACAAAAT	600
	AAGGTTTCGT TTCAATTTCT ACTGTTCTTA CTGGTAGCTC TTTAAAATTA AATGTTTGTA	660
	ATGCTTGCAT TTGAGTATCC TCCTTTTTC TCAACACCCA CATTGAGCAG ACGGTTATCG	720
25	CAATGACTAT CGAATGTATT TAAACGCGGC TCATATCATC GCCAGcTCTC GCTCACATCT	780
	GCTCAATGTG GATGTTGATA AGCGTGGTTA TATTAAGAAG TGAATGTTAC TGATTCACCT	840
	TCCGCCACTC TGTTAAATCA GTAACCTTGT TATCGCTTTC AACACCGTTA AGCTTGCTTA	900
30	ACGCTTTCAC TACTTTTTGG AACTCTTGA TAGCACTtCG TAGCTTTTTTA GTAATTTTAT	960
	CTTCTACCAT TTCCAAACCA GCAAATGCGT CTTGCTTATT CATGCTTAGA TGTGTTGTA	1020
35	AAAGATCTCG AGTGTATCTT ATTTCTTTAA GTGATTTATC ATAAGCTTCA ATTTGTCCTG	1080
	AAAGGTTATG ATATTTTAGT TGTAGTTTAA CTAATTTTAA TGATTGGTCT TGCATTGTG	1140
	ATGTCTCCTT TAAGATGTTT GTTTGCGTTT CGTGTACTTT GTGGGTAAAA AAATATCTCC	1200
40	AATATTTTCG TCAAAAAAAT CAGCGATAAT AACATCTCA TCATTCTTAA ATTGATGCTT	1260
	TCCTAATTCT TTTAAACGAT AACCTTCAGT TGATATATTC AAGAGGTTTG CTAAATCTTC	1320
	TTGAGTACAC TTTCTTTCTT TTCTCAACTT TATTAAATTC CATTGCATGT TGTCACCTCC	1380
45	CGCTTTACAA AACCTACTAT ACACGATACG GTACTTGnGT CAACATAAAA GTTTGCTTTT	1440
	CGTGTATTT	1449

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 593:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1170 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 593:

5 ACCAAAAACA CTTTCTAAAG AAATTGTTTC AGAACCATT T GCTAAAAACC AATTACGTGA 60
 AAAAGCTCGT CTAAC TAACA TTAAAGGTTT AGAGATTCCA AGAGTTTCAT AACTTTTAGA 120
 CGATGATGAT TTCATTACAG ACGTAGAAAC AGCAAAAGAA TTAAAGCAA AAGGTGATAC 180
 10 AGTCAAGTTC ACTACTAATA AATTCAAAGT ATTTGCTGCA ATTTAGATA CTGTAATTCA 240
 TGGATCAGAT GTAGATTTAG TAACTGGGT TGAACGCA CTACAATCAG GATTAGCAGC 300
 TAAAGAGCGT AAAGATGCCT TAGCAGTAAG TCCTAAATCT GGATTAGAAC ACATGTCATT 360
 15 TTATAATGGA TCTGTAAAG AAGTTGAGG AGCAGACATG TATGATGCTA TTATTAACGC 420
 TTTAGCAGAT TTACATGAAG ATTATCGTGA TAACGCAACA ATTTATATGC GATATGCAGA 480
 20 TTATGTCAA ATTATTAGTG TTCTTTCAA TGAACAACA AATTTCTTTG ACACACCAGC 540
 AGAAAAAGTA TTTGGCAAAC CAGTAGTATT TACAGATGCA GCAGTTAAAC CTATTGTGGG 600
 AGATTTCAAT TATTTTGGAA TTAATATGA TGAACAAC TATGACACTG ATAAAGATGT 660
 25 TAAAAAGGC GAATATTTGT TTGTATTAAC AGCATGGTAT GATCAGCAAC GTACATTAGA 720
 CAGTGCATTC AGAATTGCAA AAGCAAAAGA AAATACAGG CCATTACCCA GCTAAGCCCC 780
 AAAAGGTTAA TGTAACAGCT AAGGCTAAAT CAGCTGTAAT ATCAGCCGAA TAGGGGTGAT 840
 30 GAAATGAGTT TAGAAGAAk TAAATTGTGG TTGAGAATTG ACTATAATTT CGAAATGAT 900
 TTAATTGAAG GTCTCATTCA ATCGGCTAAG TCTGAATTAC TATTAAGTGG GGTnCCAGAT 960
 TATGACAAAG ATGACTTGGA ATACCCGCTT TTTGTACAG CGATTAAATA TATCATTGCA 1020
 35 AGAGATTATG AAAGTCGTGG ATACTCAAAT GACCAATCTA GAAGCAAGGT GTTTAATGAA 1080
 AAAGGATTGC AAAAAATGAn TTGAAATTA AAAAGTGGT AGGTGATTTT TAAATGGAAT 1140
 40 TTAATGAATT TAAAGATCGC GCGTATnTTT 1170

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 594:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

45 (A) LENGTH: 1393 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 594:

50 TGAAGGGTGT TTTGTTTATG GCCAATTGCT GTGTTATTAA AnCGAATGTT TCGAATGGAA 60

55

ATCATTCCGG AAGAGGACAT GTCTTCAGCT TCTGATTGTA AAGCACAGTT TTATCGCGGT 180
 ACTTTGCAGC GCTTTTACCA AtCnTTGCAC GCAGAAAAGC TTACACCTTA TGTTATGTCT 240
 5 TATGACGATA TCATTTTATT TTGTAAAGAA AACAAATATCT CTGAAGTAGT GACTGCGGGT 300
 GATATTATGA GTTATCATCT TGAAGAATAT GATATTTTAC ATCAACGTTT TTTATTCAAT 360
 GAAGCACGCA TTGCCGTTAC TTTGATACGT GGAATCATT ACTTTAAAGC GAGTAAAACA 420
 10 ATGAATCAAC AAGGGGAGCC ATACAATGTT TTTACTAGTT TCTATAAAAA ATGGCGACCT 480
 TACTTGAGGC ATAGAGACGT ATATCACTAT GATTTAAAAT CATTGAAAA CTTTGTCAAT 540
 GCATCACCTG ATGATTTAGT GTTTGATGAC ATAGCATTG GATCCTCACA aATAATTGAA 600
 15 CAGatAAATG GCAACATTTT TTAGATCAAG ATATACAGAA TTACGAAAGC GGAAGAGACT 660
 ATTTACCTGA AGTATTAACA AGTCAGCTAA GTGTGCTTT AGCATATGGA TTATTAGATA 720
 20 TTATTGAAAT TTTTAATGAT TTATTGGCGC GTTATGATGA AGATGAGGCA AACTATGAAG 780
 CATTTATACG TGAACTCATT TTTAGAGAAT TTTATTATGT GTTAATGACA CAGTATCCTG 840
 AAACCTCATA CCAAGCTTTC AAACCTAAAT ATCGACAGAT AAAATGGTCG CAAAATGAAG 900
 25 CGGATTTTAA TGCATGGTGC GAAGGGCAAA CAGGATTTCC AATCATTGAT GCAGCAATAA 960
 TGAATTGAC ACAAACTGGT TTTATGCATA ATCGAATGAG AATGGTTGTG TCGCAATTTT 1020
 TAACCAAAGA TTTATTTATA GATTGGACAT GGGGAGAAAA ATTCTTTAGA AAGCACCTTA 1080
 30 TTGACTATGA TGCAGCATCA AATATTCATG GATGGCAATG GTCTGCTTCT ACAGGTACGG 1140
 ATGCAGTGCC GTATTTTAGA ATGTTTAATC CAATAAGACA GAGTGAACGC TTTGATGCTA 1200
 AAGCTTTGTA TATCAAAACA TATCTTCCGA TTTTAAATCA AATTGATGCA AAATATTTGC 1260
 35 ATGATACACA ACGCAATGAG TCCAACCTTT TTGAACAGGG GATTGAATTA GGTAGTCATT 1320
 ATCCAAGACA AATGGTAGAT CATCAAGAAA AACGTACACA AGTTTTAGCT ACATTTAAAG 1380
 40 CGCTAGACTA ATT 1393

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 595:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 45 (A) LENGTH: 1484 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 595:

50 TTAACCTGAA AGATTTCCCC GACATCTATA ACTTGTATAA TGTGTATATG TCGTTTTTAG 60

55

AAAAATTAAA AAAAGAATAT CTTGATTGGT ATAATCAGAC CTTAGAGTTT TCTAATTTAT 180
 CAAACAATGT AGTAAGWATA GATACTCCTT TTAAGATAA TTCTTTAGAT AATTTAATAA 240
 5 TTTACGCTTT ATACGATCAG TCCAGAGACA TGATTACACT GACAGATGAC GGCTATACTA 300
 TATCTGATTT AGAAAATAAT GGTATTTCCT TAAATAAATC AAAAAAACGT AAAAAGATTT 360
 TTGAAGAGCA CCTTTCAGCT TACGGTATTA AATATAACGA TAAACTCAC GAAATTTTGT 420
 10 TTCAAATAA CTTTAAAAAT TTTAATAAAT CGAAACATAA TTTATTACAG TGCCTTATAT 480
 TTGTTAATGA TATGTACTTA CTTTCTAATC CTAAGTCACA GAACATATTT ACAGAAGATG 540
 TTGCAAACAA ATTGGATGAA CATAACATTT ATTACGGAAG AGATTTACCT ATTATAGGAA 600
 15 GCAGTGGTGT TGTTATAAT TTCGACTTTT TTATTAGCGC TAAGAAAAAT CAAAAAGAAA 660
 AATTTATCAA TGCTATTTCT AACCTAATA ATTCTATGAT TATTAAGTCG AAAATAACGG 720
 20 ATGCTATGCA AGCAAAAAAA ATAAAAAGAC ACAGGCAAAA TGAGTTTATT TTTATTTTAA 780
 ATGACTCAAA AAAAGAAATA AATGAACATA ATAAAAATCT TCTTCATGAA AACTATATTA 840
 GTACAATAGA TTATAGCGAA TTAGATGAAA AGATAGGTTT ATTGATTTAA TATATATAGA 900
 25 CGTGATAATA TCAATGTTTA TATTAAATGA AACGAATTTG AAAATTTCTG AACAGCTTAA 960
 GATAGCAAAT TGAATAGCCT TATTGATAAT GCAGAATCGT CTACACTTAG TTGAACAAAT 1020
 TCTATGAGAA TAGATATTGT TAACTATTT GGGTAGGCGA TTTATTTTGT ACAAGAGTCA 1080
 30 GAAGATTATT TAGTTCATAG TTTAAGTTAC AAATGGCTAA ACTTTATGAA AATGGTATGA 1140
 CTAGAATCGA AATTATACTC GAATACGATT TAACACTCTC AATCTTCTCG AACTGAATAA 1200
 ATACTGGGTC ATTCAATCAT CAAGACAACT TAATAAGTGA TGATAAATGT TCATACCATT 1260
 35 TTGCAAATAT AACCAGATAC TCTCAACAAA ATGTAGAGTT CAAAATTAAA AATGTCCCTA 1320
 ATTGGCACAT TGCTGTATGA TAATAAATTC AACTTAGATT TCAACAATAT AACTAATGAT 1380
 GCTTATATTT ACCGCGATAT CAAACCAAAC AGCCCATCCA CAAACAAATT AGAATATATC 1440
 40 mTGTTAATAA TAGTAAATGA TATATCTTCC AAAGACCGCA AACT 1484

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 596:

45 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1435 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

50

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 596:

55

CTTTATCaTT AAATGCCaTT TTGaATCCTT CTTGAATTG TTTGATTTC TTTTCAGTAT 120
 TATTAACCTT GTTCAAGACA GTGCCATTAA TTTTCTTCTT GAGTGGACCA ACCTCATCTT 180
 5 TATTAGTTGA TTCATGAATC GTTAATCCAA TGTGTGGCTG TATTCTATAA CCATCATTCTG 240
 CTATAGTTGA AACATATTGT GaTAATTGTA ATGGTGTATA GGTATCATAT TGACCAATTG 300
 ATAAATCTAG ATAATTACCT GGATTATTG TTAATGGTTC GATTTGACCT CTTGTTTCAT 360
 10 TTGGTAAATC TATCCCTGTT TTCACACCTA AGCCTACTTG ATTTAATCCT CTTCTTAGCT 420
 TTTGGGCAGG TGAACTTATG TCTGAAGGTA AAGCCATACC AGAATAATAA GGGTCTCCCG 480
 CTAATTTTAA TGCTGTTTTA AACATATATA CGTTTGATGA ATGCATCAA GCTTGCTTAT 540
 15 CATTAATAGT TACATGCCCC TTTTATTGA AGTATGATCG TTTTGTCAA CCACCTTGGA 600
 AATGTAATGG TTCATCGACC ATTGTTTCTC CAACTTTGAT AGCTTTATTC TGATAACCGG 660
 20 CTAATAATGT TCCACCTTTT ACAGAAGATC CAACCGCAA TTGAGAAGTA AACGTACCAA 720
 TGTCAATATC AGTCATTTTA CCACTCTTAT TAATCTGCTT TCCGGCAAGC GCAAGAATGT 780
 CTCCATTTTT AGGATTTTGT ACAACCATCA TTGcATTATC CATATCTTTG GCACCTTGAC 840
 25 TGCGaTTCT TAATTGTTT ATCTAATAAT GCCTTACTT CTTTTGAAG ATCTATATCG 900
 ATCGTTAATT TCAAATCTTG ACCGCGAGCG CCAGGcTTTA ACACTTCTGA AGATGTAAC 960
 TTACCAGATT TGTCCGTTGT GTATTTCAAT TCTTCTTCT TACCACGcAA TACATCTTCA 1020
 30 TATTGATATT CTAGGTAAGA TTTTCCAACA CGATCATTGC GTGAATATCC TTTGGATAAG 1080
 TAATGTTCTG TCAATCTTT TGGaATACCT TCAGCAGGTG TCGATACATC TCCGAATATA 1140
 CCTCTTAAAG TATCGCCATA TGGATATTTT CTATCCCAAT CCATAGACGT GTTAACACCT 1200
 35 GGTAATTTGG AAAGTTGCTG AGAACTGCT GCATACTCTT TTTCACTGAC ATCTTCATTT 1260
 TTTATCATTT GTGGATCTAA AACTGTTCTT GGCATTATC TCTCGAAAA TAGCTAAAAC 1320
 40 TTGGTAAATC TTTAGAAGAC AATTCATCTA ATTGTGGATT TTCCGGATTT CGGATAACAG 1380
 TTGGTnTATC CATAATGGAT CCTGGTTTAA TACCTTCCAn CnGGCGAACA TAGCC 1435

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 597:

- 45 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 516 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 50 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 597:

55

AGAAAAAGAT TTAGAAAAGA TTACCATTTCG CGACATAACA ACACGCGCTG ATATCAATAG 120
 AGGGACATTT TACTTACATT ACGAGGATAA ATATATGTTA CTCGCAGATA TGGAAGATGA 180
 5 GTATATTTCA GAACTAACGA CATATACTCA ATTTGATTGG TTACGCGGTT CTTCAATTGA 240
 AGACATTGCG AATACTTTTG TAAATAATAT ACTCAAAAAT ATTTTCCAAC ATATTCATGA 300
 10 TAATTTAGAG TTTTATCATA CTATTTTACA ATTGGAACGC ACGAGTCAAT TAGAATTGAA 360
 AATCAACGAA CATATTAAAA ATAATATGCA ACGTTACATT AGTATCAATC ATTCTATCGG 420
 AGGCGTTCCA GAGATGTATT TTTACAGTTA CGTTTCCGGA GCAACAATTT CaATTAnnTA 480
 15 AATACTGGGG TAATGGACAA ACAGCCCATTT TTCAGT 516

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 598:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1955 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 598:

AGTACTTTAC CATGAGGTAA GACTTTATTC CCTGCTTTTA TAGATTGTGC TTTTATTTGT 60
 GTGCCAGAAC CAATAGTAct GGTcTAATGA TTTTGCACTC ACATTATCAA TAGCTTTTTG 120
 30 TTTGTCTTGA CCTTCAACAT CTGGCACTTT ACTATACTCT GCATTAGATG TGTCATCTTT 180
 TGATTTACCT ACATTTAAAT ATTTCAAAGT ATTTTCCATT ATTGGTTTAA ACGCTTTACT 240
 35 AACACCTAAT TCATAAGCTT CTGGTTCATT TTTTGTGACC AAGCTCATA CAGCGTATAC 300
 AATAACTTTA GGATTTTTCT TCGGCGCGTC ACCCATAAAA CTTACAAAAT ATGGGTTTGG 360
 ACCTTTAACG TATCCACCAC CATTAGGTGC AGCGACTTGT GCTGTACCAG TCTTACCTTC 420
 40 GACCTCATAA CCATCAATAC GATAGTTTGC AGCGTGACTC TTCTTACTAT TCACAACTAA 480
 ATCCAATTGC TTTTCAACTT TTTCAGCAGT ATCTTTTGTT ATTGGTTTGC CTGCGATTTG 540
 TTTTGGCCCT TTATAAAATT GTCTTTTACT AACAGGATTT TCAACGCTAT TCACAAACCA 600
 45 TGGTTTTAAC ATATTACCAT CATTAAAGAA CGCTGATTGC GCTTGTAACA TTTGAACAGG 660
 TGTTACTGTT GTCGATTGAC CAAATGATGA CGTTTTTTGt TGCAACTCAT TACTCCATCC 720
 AATTTGaCCA GGTGCTTCTC CATCAAACAT ACCTTTAGTT GaTTTTCCaA ATCCaAATCG 780
 50 TTCATACCAA GATTTCAATT TGTCTGCACC AACTAAATCT TGTAATGCA TCATCAATGT 840
 ATTAGATGAA TAAGTAAATC CGAGTGACAT TGGGATTTCa CCCCACCGA CTCTATTCCA 900

AAAAGCACCT TCTTGAATAG CAGCTGCTAA CCCATATGAT TTAAATGTTG ATCCAGGCTC 1020
 GTATGTGTTT TGATAAAGGT CATTGCCCCA CTTTTTACCA AAGTCTTTAC CAGTTTCAGG 1080
 5 ATTAAATGTT GGTGCTGAC TGTATGcTAA AATTTCTCCA GTTTTGGCAT CCATGACAAC 1140
 CGCAAATAAA TCTTTTCGGCT GGTATCTTTC AACCATGCCA TCTAAAGCTT CTTCAACAAA 1200
 TACTTGAATA TTTGAATCGA TTGTTAAATG GACATCATCA CCACGTTTAG GCTGCTTCTC 1260
 10 TTTTTTAGTA TTTGGTGCGA TATATCCCCA AATATCATGA ATATATCTCA ATGATCCTTT 1320
 AGATCCACTT AAATAACTAT CAAAAATCTT TTCAACTCCA AGTGCACCTT TAAGTTCACC 1380
 15 AGTATCCGGA TTTTCTGAG CTCTACCAAT TAAGTGTGAT GCAAAATTGC CATTGGGATA 1440
 AAAGCGTTCT GTTTCAGGCA ATAAAGAAAT ACCAGGCAAA TTCATTTTCT CTATTTTCAA 1500
 TTTGCTCTGA TACGTTAAAT TTGTTCTTTT GCGTCCAAAT TCAATTGGA AAGCTTTCTT 1560
 20 TTGACTAAGT CTCTTTTCAA TTTCCTCTGG CTTTCATATTA ATGACTGTAG ATAATTCTT 1620
 TGCAGTCTCT TTTTATCAA CTACATGCCT AGGTTTTTTA GAAITGGCAC TCGCCTTTTT 1680
 ATCTATTACT GCAACAAGTT TATATCTTTC TACATCTTCT GCTAGCACTT TACCATKACG 1740
 25 ATCATATATC TTTCCTCGTT CTGGTTGTTG TGCATTCTTA ACTAAATACT TTTCATTGTC 1800
 CTTTCATGACT AAATCTTGAC CATTAGAATG TCCAGTAATC ATGATATATG AAATTTCTAA 1860
 AACCAATATA AAAAAGAGCA GTCCGAATAA ACCAACAAGT AGGACTGCCC CTATTTTATT 1920
 30 TTTTTTAATT TTAATTTTTT TGGTCGCCAT TACTA 1955

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 599:

35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 704 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

40

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 599:

TAGCAAGAGT AGGTGATAAC AGTTCTTTTA ACGTGTGTC TGCTTGCTCA TTTCTTGGCT 60
 45 CATTGTAGAC TAAATATATA TAAGCGTTTT CAAATAAGTG CTTTTTAGCA TTTAGTACAC 120
 CAGATTTATG ACTACCAGCC ATTGGATGAC CACTGACTAA ATGAATATTA TGCTTTAATA 180
 AATTGCATTC GTGTTGCTGT ATCATTGCTT TAGTACTACC AGTATCAGAA ACAATAACAC 240
 50 CAGGTTTAGT TGGCATATCT ATAAGCTCGC TAAGATATTT ATTTGTGATA GCAACAGGTG 300
 TTGCATAAAT AATTACATCG GCTTTTTTAA TAGCTTCACT ATAATTTAAA CATTTTTCAT 360

55

TATTAGTATT AGGGTTATGG TATTTTATAT TGCTAGCAAG ACTTCCACCA ATTAATCCAA 480
 GCCCAACAAA TAAAACTGTT GTCATATAAA TCACCTTATT TCGAAATTTT CAGAATAATA 540
 5 ACATTGTAAA TGAGCTGTTG ACACAGTGCA ATAGTAAATA AAAATCGATA ATAGCATTAA 600
 TAGATAAACG GAGATAAATC ATCTACAATA AAGAGTATAG TAACACAATG GCAACGGAGG 660
 10 GGTAAATCAA TGGAACCAAT ATTAGAAATG ATtAAAACAT TAAC 704

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 600:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1158 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 600:

CCTCTAAAGG ATCACGAACC TTTTTCATCG TGAATAAGCC TATAATACCC TTAAAcCTAT 60
 TATTATTAAC TTTTACCTCT GTGTATTCCC TATCAATTAG GCGACGCCAG TGACGTTTAT 120
 25 CTATATACTT TACTTTTACA GTCACCAACT CCTTGTCATT ATTATATAAA ACTACATAAA 180
 TGATGTCATG TCATGATACA GTTTTATAGT TTTTGTTAAT CATATGAAAA TATTTATTAT 240
 TATTTTACTA CAACTCGCTT CAATTTACTT AAAATAGACA ATATTAATTA GATAGTACAC 300
 30 ACATTTCTTC ATAAAAGTGA TTTTTCAAAA ATATAAATAA CACACTCTTA TCGTTTTCAA 360
 AATCATTTAA TGCTATTTTC ATTAAAAACA GCTGAAGCAT CAAATCTATT CTGATTCAAT 420
 CAAGAATACA TATAAAATG AAGTGACTCA AAGGTTTATT AACACCTTC AAACCACTTC 480
 35 ATTGATCACT TTTATTTTAA AGCATATTTT TCGATTACTG ATTTAAGATG CGGATATTGC 540
 GTAATTAATT CAGATTGCTT AAACAATTCA AACTGCTTAA ACTCAAATGC CGGTTGACAC 600
 ATACAACCTA CTAAACTAAA AGTATTTGAT ATTTGATTG AAGAAGCAAA AATTGTTTCCT 660
 40 TTAGGCACTA CATATTGCAA TACATCTCCA TTTTGGATAT CAGTACCCAA TGTGTCAGTC 720
 GTATATTCCC CATCCGGATT TATCATATGA ATTGTTAGAG AATCGCCAGC ATGATAGTAC 780
 45 CATACTTCAT CAGCATCAAT TCGATGAAAA TCGGAAATAT TGTCTCTGT AAGTAAAAAA 840
 TAAATACTAC TAAACGGCGC TCTGCGTCCA TCTTTCAATA CTTCTCGAAT TGTCTCTCTA 900
 TAGAAACCAC CTTCAAGGATG TGATTCAAGT TGCAATTcAT CaATCCATTG TTCTGCTGAT 960
 50 TTCATTATTT CAAATCCACA TTATGGAATA CGTTTTGTAC ATCTTCTAAA TCTTCTAATG 1020
 CATCGATTAA TTTTTCAAAT GTTACTTGGT CCGCTTCAGA AAGTTCAATA TCTGTTTGAG 1080

GAACGACTGC AAATTGAT

1158

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 601:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 827 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 601:

TGATACTTAT TTTTCAATAT TATTTGGAAT AAATCTTnT AATTGTGGTG TGAAATAAAC 60
 ACCGAAATTC TTTTCAGATT CATCTTTTcC ACTACCTGCA TATAAAATAC CAATCAGTyC 120
 ATGTTTAGAA TTCAATACAG GAGATCCTGA ATTACCTGGT TGTGCATACG CATCAAATTC 180
 CATAAACGTT CCACTGATAT GGTTAATCGT TCCTGTCGAT TCAAACATTT TATATTTTGT 240
 TTGTGCACCC TTTGGATAAC CAATAACAGA AATTCTATCT TTCACTTTTG CTCCGTCGTG 300
 AAATTTTGTA TAACTAACGT TCTTATTAAA ATTCAAACCT TCTGTACTTG TTTCATGAAC 360
 ATGAACATC GCAAGGTCTT CTTTCCGGG ATATTCTACA ATGTCTTTAA CGTCGTAGTT 420
 TCCTCCGCCT TTACCTTTAC TCGAATGATG TGCTGATACT CTATTTTTAA AAATATCATT 480
 ACTTTTAGCG ATATGTTTGT TAGTTACGAT TGTATTTTAA CCAACAATA CACCAGTACC 540
 ACCCAAAAT GCTACCACTG aATTGTATGG TTCCTTAGTT GCATCGGTAA TTTCTTTGAC 600
 ATTCTTTTCT GCTTTGGCAA TTGAATGArG CTGATTAGAA ATATTTTCAG CAAAACCAAG 660
 AGATGTTAAA ATAGTTAAAG CAGTTAAACC TTTAACCATT ACATTTTAT TCATATTTTA 720
 CCTCCTTCCA AATTTATTTT nATAGTTAAT GTATCTAGAT ACACATTTAC TATATACATT 780
 TTAAATAAAA ATATTnATTA AATATTAATT AACCACCTAT nAACGTT 827

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 602:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 796 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 602:

nGGnACGTAA AGTATTTATG TTAAATGGCA nAAATATATG AATGATGAGT TACCTGGATT 60
 ACCAATGTTT CAAGGTAAAT CGATAACTAT TGTTAACGAT AAAGTACGAA ACTTAGACAT 120

CGACGATTTT GTCGAGGTTT ACTTATATGG GGGGATGTTA TGAATAATGT ATTGTTAGAG 240
 GTTAAAGATT TAGAAACATC ATTAAAAATA AATAATGAAT GGTTAGCAAC TGTGAAAAT 300
 5 ATTTCTTTTG AATTATCTAA AGGAGAAGTT TTGGGTATAG TAGGGGAATC TGGTTGCGGT 360
 AAGTCCATAT TAAGTAAGTC AATTATTAAA TTATTACCAG AAAAGATATC TAAACTAAGT 420
 10 AATGGAGAAG TTATATTGA TGGTAAACGA ATCGATACGC TCAATGAGAA GCAATTGCTA 480
 GATATTCGAG GAAATGATAT TGCTATGATT TTTCAAGAAC CTATGACTGC TTTAAATCCT 540
 GTATTTACCA TAAAAATCA ACTTGTGGAA TCTATAAAAT CACATAAAAA AATTTCTAAA 600
 15 AAAGAAGCAA ATAAATTAGC AAAAGATTTA CTAaaaaaAG TTGAATTGC TAGACAAGAT 660
 GAAATATTAA ATAGCTATCC TCATCAATTA TCTGGTGGTA TGAGACAAAG AGTAATGATT 720
 GCAATGGCCA TTTCATGTTT TCcTAAATTA TTAATTGCTG aTGAACCTAC AACAGCATTG 780
 20 GATGTCACGA TTCAAG 796

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 603:

25 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1618 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

30

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 603:

GGATGTGTTT ATCCCAAATT GaAAcAgAaa TTTATGATCA AAtGATGTGG ATTGGTTTTTA 60
 35 AaCCATTCAa AATTaCCAAT ATTAmACAAG AATCTGAAGA CATTAAATCA TTTtACAGTT 120
 GAAACTGAAG AATATGACTT TAGTGAATTT ACACCAGGCC AATACATCAC AGTTGATGTT 180
 40 TCTAGTGATA AACTTCCATA TAGAGCTAAA CGTCACTATT CTATCGTATC AGGTGAAAAA 240
 AACCATTTAA CTTTTGGCGT TAAACGTGAT GTCACAACAG AACATGAAGG CGAAGTTTCA 300
 ACAATTTTAC ACGATGAGAT TAAAGAAGGC GATATGATTA ATTTAsTGCG CCTGTAGGTG 360
 45 GATTCGTATT AGAGAATACG ACTGAACCAC AACTTTTCTT AGGTTcAGGT ATTGGTGTTA 420
 CACCTTTAGT AGCTATGTAT GAAGCTGCCT CTGCCAAAGG TTTAGATACA CAGATGGTTC 480
 AAGTTGCTGA AAATGAACAA CATTTACCTT TCAAAGACAA CTTCAACAGT ATCGCAAGCC 540
 50 ATCATGACAA CGCTAAATTA TATACACACT TAnAgATAAA CAAGGCTATA TTGGTGCTGA 600
 AGAATTACAA GTATTTTTAG CAAATAAACC TGAAATTTAT ATCTGTGGTG GTACAAAATT 660
 55 CTTACAAaTCT ATGATCGAAG CACTTAAATC TTTAAATTAC GATATGGATC GCGTACACTA 720

ATATGAACT TAATCAACGT TACGTAAAAG TATTTGCATT ATATTTTCGTA AGTATTGTTA 840
 CTGCAAATAT TATTGTAAAA AATAATAATT TAATTAAAAC AtTGATACAA ACCATAGCCG 900
 5 GGTACACGGT CTTTGCAGTT GGTTTGAAGT ATTTAACTAA ACGTAAAAAT AAATGACATC 960
 TATACCAAAA CAGCTATGAC TTTACTTTGT CATGGCTGTT TTTTAATTGG GAGTAGGACA 1020
 10 GAGATGATAT TTTTCGAAAA TTTATTTGGT CGTCCCACCA CAACATGCAT TGATGTATGC 1080
 TCACTGAATT TCATAAGAAA GGAGTTCACA AGATGACCGT AGATATTGGA CGGATTTATG 1140
 ACAATAAAGA TAATACCGAC GCTATTCGTA TCCTAGTCGA TAGAGTCTGG CCGAGAGGTA 1200
 15 TTTTCGAAAAG AACTGCTAAC CTAGATTATT GGTAAAAAGA CATTGCCCCT TCTACTGAGT 1260
 TGCGACAATG GTTCCAACAT GATCCTAAAC TTTTGGAGC TTTTAAAGAA AAATATGAAA 1320
 AAGAATTACG TGATCAGGAT GCGCAAAAAG ATGCTTTTGA AAAATTAAAG GATATTGTAA 1380
 20 ATCAGCATAA TCATGTTCTA TTGTTATATG CAGCAAAAGA TACTAAACAT AACCAAGCTG 1440
 TAGTACTACA GCAGTTGCTC AATACTTAGT TATATATGTT TATCGTGAAT CACTATAAAT 1500
 GTCGCTAACT TCATTTCTAA TATTTATTTT TAAAAAGCAT AATTACTACA ATTAATTGGA 1560
 25 ACTTTAATAA TTAATAAAT TGAACAATA TTTTACTTTA ACAAATAAA GTTTTAAA 1618

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 604:

30 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2115 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

35

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 604:

40 ATTATAATGC AAATATTGAA GCATTTAAAA CAGTCGCTAA AGCAGTAGGC AAAGAGAAAG 60
 AAGGCGAGAA GCGTCTGGAA AAGCATGATA AAATATTAGC GGAGATTAGA AAGAAAATTG 120
 AACAGAGTAC GTTAAATCT GCATTGTCAT TCGGTATCTC AAGAGCAGGT ATGTTTATTA 180
 45 ATAATGAAGA TACATTTATG GGACAATTCT TAATTAAAAT GGGTATTCAA CCTGAAGtca 240
 mAAAArAmAA AACTACGCAT GTTGGTGAAC GCAAGGGTGG TCCTTATATA TATTTAAATA 300
 ATGAAGAACT TGCCAATATC AATCCAAAAG TTATGATTTT AGCCACTGAC GGAAAAACGG 360
 50 ACAAAAATAG AACGAAATTC ATTGATCCTG CAGTTTGGAA ATCATTAATA GCTGTGAAAG 420
 ATAACAAAGT TTATGACGTT GACCGAAATA AGTGTTGAA ATCAAGGGGG ATTATCGCAA 480
 55 GTGAAAGTAT GGCAGAAGAT TTAGAAAAAA TTGCAGAAAA AGCAAAATAA AAATACAGCC 540

TGTGATGATT TACCTGAAAG TTTATTTTCGA ATAAATTTAA TTACATAACC GACAAGGATT 660
 GTTTTAACAG TTCTTTTAAT GAATTGGCGC ATCGTTACAT ACCTCATTTC TCTATATCTT 720
 5 ACGAACTATA TACCCATTCA TATATGCTTT TTAACGTCA TTGTCACAAT TTAATTTTTA 780
 GGGAAATATAA TATAACCATC TTTATCTGCT TTTTITAGTAA AAATGACAAA AATTGCATGT 840
 ATTATTGaGA TGATGGTAGG GATACCTGTC CAGAAAAATA ATAAGTGAAA AAGACCTTGT 900
 10 CCAAATTTAT CAGCATAAAA TTTATGaATA CCTAAACCTC CAAGAAATAA TGCAACmATa 960
 ACATAAATGG CTTTATTGAC TTTCATTTGT AAcCCTCCTT AACTATAATT CTACTTAAAT 1020
 15 TCGTTGTGAA AACCAATATT TCTAACTTTA GAATTTTCAA ACTTTCTAAA ATTATAAGTA 1080
 TATCTTTTTA AAATAAGCTA GAATTTCTAT ATAATAAATG TTAATAACGT AAAAGGGAAT 1140
 GATGACATAG TGATACGTCA AGCACGTCCA GAGGACCGAT TTGATATTGC GAAGTTAGTT 1200
 20 TATATGGTTT GGGATGATAT GGAATTAGAA TTGGTAAAGC ATCTACCTAA AGACATGGTA 1260
 TTAGATGCAA TTGAAAAAAG CTGTGTTGAT GCAACATATC GAACTTTTTA TCAGCATATT 1320
 TTAGTTTATG AAGTAGAAAA TAAAGTAGCA GGTGTATTAT TTAGCTATAG TGGTGAAAAT 1380
 25 GAATTGAAAT ACGAAAAAGC ATGGGAAC TA CTGACTTGC CAGAAAAAAT AAAACAATAT 1440
 GGCACGCCAT TACCTGTAAA AGAAGCTAAA GACGATGAGT ATTATATAGA AACAAATGCG 1500
 30 ACATTTCAG CATATAGAGG TAGAGGCATC GCGACAAAGT TATTAACGTC ATTACTTGAA 1560
 TCAAATACAC ATGTTAAATG GAGTTTGAAT TGCGATATTA ATAATGAAGC AGCATTAAAG 1620
 TTATATAAAA AAGTAGGCTT TATATCTGAT GGACAGATTG AATTATACAA GCACATGTAT 1680
 35 CATCATTTAA TTGTTAAATA AAATACTCGA CAGTTCGATG TAAGTCGATT GCCGAGTAGT 1740
 ATCATTTTCT ATTAAATGCC TGCAAATAAT GCACTAATAT AAATACCTAA TGCATATAAT 1800
 AAACCGAAAA ATGTATTTGT TTTACCAGCA GCAGCCATTG CTGGCATCAT TGTAGGCGGT 1860
 40 GTATCATTCT TCTTGAAACG TCTGATAACT TTAACAGGCA TTGGGAATGA TAACAACGCA 1920
 AGTAAGTAAA ATAATGAGCC ACCAGGTTTA ATAATGATCG TAAGTACAAT AAAGGCATAA 1980
 45 GCGATAAAGT ACATGATTGC CATAAATGTT AAAGAAGCAT TTTTACCTAA TAGAATGGGT 2040
 AAAGTTTTCG GACCACTTGC TTTATCTTTG ACACGGTCGC GAATATTGTT AGCCATATTA 2100
 ATTAAACCGA TAGTG 2115

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 605:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1003 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 605:

5 TATGTCTCAA ACTCAAATTA ATCAAATGTT CCAGCAGAAA AACATGTCTA CTGAATTAAA 60
 ACGTCGTTAT GCACAACGTT TATTACAGTT TCCACATGTA CACAATAAAG AATACTTGAA 120
 ATCTTATGCT AAAAACCCCTA AAGAACTAA AGATAGTTAT ATTTCTGGTT TTAAAGAGAA 180
 10 TCAATTGATT AAAATAGAAG CGATTAAATC ATTGTTTGCA ATGGATAAAT CTCCATTAGA 240
 ACATGTTAAA CCTGCTACAA AACCAGACGC TTCTTGGGAT GAGATGAAAC AAAAAGCAGT 300
 TGAAATTGGT AAAGCTGATA CTACATCGAA TAAATTTGGT ATTAGAGATC AATACTGGAA 360
 15 ATTAATTCAA GAAAGTAAGC GTAAAGTTAG ACGTGACTAC GAATTCAATG TTAATTCTCC 420
 AGAATTCCAA GATTTAGAAT TACTTGTAAG AACAAATGCGT GCTGCTGGTG CAGATGTTCA 480
 20 ATATGTAAGT ATTCCATCAA ACGGTGTATG GTATGACCAC ATTGGTATCG ATAAAGAACG 540
 TCGTCAAGCA GTTTATAAAA AAATCCATTC TACTGTTGTA GATAATGGTG GTAAAATTTA 600
 CGATATGACT GATAAAGATT ATGAAAAATA TGTTATCAGT GATGCCGTAC ACATCGGTTG 660
 25 GAAAGGTTGG GTTTATATGG ATGAGCmAAT TGCGAAACAT ATGAAAGGTG AACCACAACC 720
 TGAAGTAGAT AAACCTAAAA nTTAAATAC AAATAGCACA TAACTCAACG ATTTTGATTG 780
 AGCGTATGTG CTATTTTTAT ATTTTAAATT TCATAGAATA GAATAGTAAT ATGTGCTTGG 840
 30 ATATGTGGCA ATAATAAAAT AATTAATCAG ATAAaTAGTA TAAAATAACT TTCCCATCAG 900
 TCCAATTTGA CAGCGAAAAA AGACAGGTAA TAACTGATTA TAAATAATTC AGTATTCCTG 960
 35 TCTTTGTTGT TATTCATAAT ATGTTCTGTT AACTTAATAT CTT 1003

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 606:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 40 (A) LENGTH: 1097 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 606:

45 GCTnTTATAT TTAAAAAATT TATTnGCGGA TAATTACCTT TATTAAATCC CACCCATTAG 60
 50 GAwTaCGAGT AATAGGACTA ATACTGGAAT CACATAATGT AACATAACGT CCCTCCTTTA 120
 ACTTAATTTT AATTGTAATC AAATTTGACA ATAAGTCAAA mCATTAAATAC CTATGATArG 180
 TATCATTTAT TAACATATGT ATCATATTTT TAATCTTGGC TAATTTTTAT CGTTAACTAT 240

CTTTTGTCAT TTTAATTATG TTAAGATAAT AGTAGTTATA GAAGTTCAAT CTATAGGAGG 360
 CATAGCATGG ATATTCCAAA AATCACGACA TTTTAAATGT TTAATAACCA AGCTGAAGAA 420
 5 GCTGTAAAC TATACACAAG CTTATTTGAA GATAGTGAGA TTATAACAAT GGCTAAGTAT 480
 GGTGAAAATG GACCTGGTGA TCCCGGGACT GTACAACACT CAATATTTAC ATTAAATGGA 540
 10 CAAGTATTCA TGGCGATTGA TGCTAATAGT GGCACAGAAT TACCAATGAA TCCTGCGATT 600
 TCATTATTTG TTACAGTAAA AGATACTATT GAAATGGAAC GACTATTTAA TGGATTAAAA 660
 GATGAAGGTG CCATTTTAAT GCCAAAAACG AATATGCCAC CATAAGAGA GTTTGCTTGG 720
 15 GTTCAAGATA AGTTTGGAGT AAGTTTTCAA TTAGCATTAC CTGaGTAAAA GGATTGCGAC 780
 AGCtTGgAAT GATAAAGAAA CACTTTTTCT TATGCATGCG TTTTACCTAT GTATTTCTAT 840
 TTTAAGTACA CATTAGCATT TTAGTTTCGC TCATTTTTAA AATCACAAG ATAATTTGTA 900
 20 ACTTAAATGA TGATACGTTA TTTAAAAACA CGATACTTCG TTTCAATGAA CGCATTAAAT 960
 AATAAATAAA CACCTCACCA TAAGAAAGGA CTACTTTCTT TTGTGAGGTG TTTatTTGTC 1020
 25 GACAACTTGA TTATGATTGT TTCATTTTTT GAATAAGTTC ATAATCAGGT GTAGCATACA 1080
 AAGTTTTTTG ATTGTCA 1097

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 607:

30 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2031 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear
 35

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 607:

40 GAGGTCTAGC ATGTCTCGTT CAAAAAATA CTTTACTTA TCTAGCTTAA TGATTATTTT 60
 AAGCTTTTTT TTAATACAA ATAACGTTTT CCTAAGTGGG CTTTTTAATT CTTTTATTAA 120
 ATTAATACTT TTCTGCAGTG TTATTAATC AATTGTACTA ATTTTGTCTA TAATTTTTCG 180
 45 AGATCGTTCA ATTAAATCAC TAAAGCCTGA TGCAGATTGG ATTAGAATTG CGAGTAAAAG 240
 TTGCGCTTGG aTTATTCTAA TTGTTATTTT AGTACATATC TTTTCAATTG TTCGTACATT 300
 CGGTTTTTATT TAAAAAGTT AATATGTCAT TGTAGCCTTA ATACAAAACA ATACAATGTA 360
 50 TCATGCTATA ATGACTAAAA CAATTTGATA ACGTTGTTGC GTATAAAAAA TATTAGATTT 420
 TCGAAATCAT AACTATGCAT CTAATCGCTA TAGTTATACA ACAAGATATA ACATATAATG 480
 55 AGGTTTGATA ATGCATCGAC AATTTTTGTC GTCGCGTTGC CAAAACCTCT TTTTAAATT 540

	TTTAGGCGCT TTATTACGTT ACCTCATTTC TTTTCTGAAT ACTGACGGAG GTTTTCCAAT	560
	CGGAACACTG ATAGCCAATT TGACTGGTGC CTTTGTAATG GGATTGCTAA CAGCCTTAAC	720
5	AATTGCATTT TTTTCAAACC ATCCGACCCT AAAAAAGCT ATTACGACTG GTTTTCTTGG	780
	TGCTTTAACG ACTTTTTCAA CATTTC AATT AGAATTAATA CATATGTTTG ATCATCAACA	840
10	ATTTATAACT TTACTACTAT ATGCTGTAAC AAGTTATGTC TTTGGTATTT TGTTATGTTA	900
	CGTCGGTATA AACTAGGTG GTGGTTTATC ATGATATCAA TCATTTTAGT CATGATTGGC	960
	GGCGGTTTTG GCGCAATTGC TAGAAGTGCC ATTACTGATT ATTTTAATCA TAAATTTACT	1020
15	TCAAAGTTAC CTATCGCAAC ATTGATAGTA AATCTAGTTG GTAGTTTTTT AATTGGATTA	1080
	ACTATAGGCT TATCAATTTC AATCTCATGG TTCCCTGCGT TCTTTGTTAC CGGTTTTTTA	1140
	GGTGGCTTAA CAACTTTCTC AACGTTAGCC AAAGAACTTA CACTAATGAT GACGCCAAAA	1200
20	TTTAATATTA ACCTTTTTCT CAATTATTCA CTTTTACAAT TCATCATTGG ATTTATAGCT	1260
	TGTTATATTG GCTATCATAT TTAAAAATAA AATGCTTCAT TCAGCAAATA GGTAAATTAC	1320
25	GACACCTTCC TGAACGAAGC ATTTTTTAAT TTTCATGCAA ATTTTAAAGC ACCATATAAT	1380
	GCCTACCAAA TTTCAATAAT CTTTGTTGCC GTTTAAATAA TGTGAATGTC AATAAATTCT	1440
	CCAAACTAGT CGAAAAATAA GGGAGTGGGA CATAAATCCC TAAAAAACA GCAGTAAGAT	1500
30	AATTTTCAAT TAGAAAATAT CTTACTGCTG TTCTCTATTT ATACAATACT TCGTATTGaa	1560
	TGGcTTCGCT TTCCTAGGGT GCCGTCTCAG CCTCGGcTTC GACTGGCACT GCTCCCTCAG	1620
	GAGTCTCGCC ATTAATAcTA CGTATTAACA TGTAATTTTA CTTTACATA CTTTAAAAAA	1680
35	TAAGACACTT TGCCCAACTT AACTACCAA TAGAAACCTC TGTTAGAATT CCTCAAAATG	1740
	ATATTTTCGCG ATATGTTAAT GAAATTGTTG AAACGATACC TGATAGCGAA TTCGATGAAT	1800
40	TCAGACATCA TCGTGGCGCA ACATCCTATC ATCCAAAAAT GATGTAAAAA ATCATCTTAT	1860
	ATGCATATAC TCAATCTGTA TTTTCTGGTC GAAGAATAGA GAAATTACTT CATGACAGTA	1920
	TTCGAATGAT GTGGTTAGCT CAAATCAAA CACCTTCTTA TAAACTATT AATCGTTTTA	1980
45	GAGTGAATCC TAATACTGAT GCGTTAATTG AATCTTTATT TATTCAGTTC C	2031

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 608:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- | | |
|----|----------------------------|
| 50 | (A) LENGTH: 687 base pairs |
| | (B) TYPE: nucleic acid |
| | (C) STRANDEDNESS: double |
| | (D) TOPOLOGY: linear |

55

TCCCCGGGAA TCGAACCCGC GAnCTCCTGC GTGACATGCA GGCGTGTTAA CCGCTACACT 60
 ACGAGACCTA TTAnATTAAA AACTATGTAT TGC GGGAGGC GGATTGTAAC CACCGACCTT 120
 5 CCGGTTATGA GCCCGACGAG CTACCGAACT GCTCCATCCC GCGCTAATAT TATTTTGAAT 180
 TACCTAATTA ATATACCATA ATCAAAAACC TAAAGTsrrG AACTTTTGA ATTTAATTTA 240
 AATGTTATCT CTAAATAAT TACTTAAATA TCGTAGCAAC ATGTTCTCTG TTGAACACAA 300
 10 ATATTAGTAT ATTCATTTTT GTAGTGTAAG TCAACGACAT TTTCAAAGTT TTTTGTGTAA 360
 AAAACGCTT CTTATTCCTT TTTATCATAT AAGTGTCTAA TAGTTGTCAT AAATAGTGkT 420
 AAAGCATTTA AAAAGGTATA GGAGTTATAA AGTTTACAAC GCCTATACCT TCTGAAAAAG 480
 AAATTATAAA AGCTTGTTAC ACCGCATATT CTTTCAGTCA GCGACTACCA ATATAACATT 540
 GTAGCCcAA GACATTGCTT GACGCCTCAn TTACAACAAT TTTTCAAAT CAGCAGCTAC 600
 20 CTACTGACAC AACATAACAC AACCcTACA CTAnCTATCG TGTCAATGTA TCTTGCATCC 660
 GATCTTGCAA CGCTGTAAAT GTTTCGA 687

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 609:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 - (A) LENGTH: 843 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 609:

GTGTGAATA CTTTGACAAA ATGAAATCAT TTGTTCTTTC GTTTCAAATT TAACTGTTTG 60
 AATTAAATCA GTTCGTTTTT CGTAGTACTT CGGCGTTGTG TTCATATTCA TTTTTTCTAA 120
 AAATAAACTA GTAAACAATG CACCTTTAAG ACTCTGACTG ACAACGTGTG GTGCTAAAAA 180
 40 GAAACCTTGA TACATTTCAA GCAATGCATT TAATGATGCA CCCGCTTCTT TACCAATACC 240
 AGGTGCTGTC AATCTATAAC CACATCGTTC AATTAAATCT TTTCTACCAG CAATGTATCC 300
 45 ACCAATCTTA GCTAAACCAC CGCCAGGGTT TTAAATTAAT GATCCTGCTA TTAAATCGGC 360
 ACCACATTCT ATAGGTTTCA GTCTTTCAAC AAATTCCTCA TAACAGTTAT CCACAAATAT 420
 TAAAAATTA GGATGCACGT TTTTCAACCT AGTAATTACC TTTTCAATTT CATCTAGCGG 480
 50 AATTGAAGGT CTTTGATCAT AGCCTTTTCA ACGTTGAATC GCTATTACTT TGGTGCGCTC 540
 AGAAACCCCa TCTAACACAC TTTCAATATC GATCTTACCT TCTTTAAGTG CAATATCTTT 600
 55 ATACGATmCG CCATGCTCCA TTAAACTTTC AATACCATT TCCGTTTACGC CAATGACTTC 660

ACTTTGTAAT GCAATAGTAA TCGCATGCGT ACCTGAAATA ATTTGCGGAC GAACAATTGC 780
 ATCTTCTGCT TTAAATGCCT GCGCATATAT TTCTTAATTG AACGAATTTA GAACTAATCG 840
 TAA 843

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 610:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 775 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 610:

GATTATTATA AACCGAATGA AACAAAAAG TTTTACATA TTTCAACAA CTTTATTTC 60
 ATAAAGCATC AAGTTGATCT AAAGTTTGAT TCATACCTTG TTCAACACCC ATGTTTATGA 120
 CTTGTTGAGC GGCTTCTTTT GTTGAAATA CCGATGTTGA TGCTACTGTC GTTTTCGTTG 180
 TATTGCTCTT GGAAAATGAC AAAGTAATTT TCATGCTTGG CATTTTGTGA TCTTTTGCAC 240
 CTTGAGGTGT CGCAAATGAG TCAATATATT CAATTAAATA TGGACGCTTA ACCGTTTAT 300
 ATTCTGCTAA TGTATAGCTG GTCATTGTAG GTGTTTTAAT CGCATAAAAT GCATCACCGC 360
 CTGAAACAGC ATTAAAGCGA AACACTTTGG TACTAGCGTC TTTTGGATGA AACCATTTTT 420
 CAAATAATGC TTTKGTCTGA TAGGCATCAA ACACCTTTTC AATCGGTGCT TCTATCGTTC 480
 TTGAAAAAT AATTTTATTA TCTTCAACTT TAATCGTCAT CTTCCTCTC CCTATCTTTT 540
 ATATTTACTC ATCTTAACAT GCATTGAGTA ACATATGTTA CCAAATCATT TGTATAAAC 600
 TATAGTAATA TTAATCATTC CCTCTGTnGA AATTGATAAC TACGAAATAA AAAACACACT 660
 CTATTCAGCT ATTAACAGTT GAGTAGAGTG TGCAAACCTG TTGAATTAAT GCGCTAACAT 720
 TTCTTCTTTG ATTTGGTCTT nATnTAATTT TGAAGGATAA TATGTTGGCC AGTTA 775

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 611:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 728 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 611:

ATCAAATTT GATACTAAAG GGCTCACGCT ATTTTATGTA TTTATTGGAT TGATTATGTT 60

	TGTGGCAATG TGTTTATTTA AAGTAGAAAA ACATGTTTCT TCACCATTTT TACCTGTGGT	180
	TGAATTTAAT CGTTCGATTA CTTTAGTTTT TATAACTGAC CTTCTAACAG CTATTTGTTT	240
5	AATGGGATTC AATTTATATA TTCCAGTCTA CCTTCAAGAA CAACTAGGAT TATCTCCATT	300
	GCAAAGTGGG TTGGTTATTT TTCCTTTATC TGTAGCTTGG ATTACATTGA ATTTTAATTT	360
10	ACaTCGAATT GAAGCAAAAC TATCAAGGAA AGTTATTTAC TTACTATCAT TTACATTGCT	420
	ACTAGTAAGT AGTATTATCA TTTCAATTTGG TATTAAATTG CCGGTACTTA TAGCATTGTG	480
	GTTAATTTTG GCAGGATTAA GTTTTGGATA TATTTATACG AAAGATAGTG TGATTGTCCA	540
15	AGAGGAAACT AGCCCATTAC AAATGAAGAA AATGATGTCA TTTTATGGAT TAACTAAAAA	600
	TCTTGGGGCA TCAATAGGTT CAACAATAAT GGGATATCTT TATGCGATAC AATCAGGAAT	660
	CTTTGGTCCA AACTTACACA nTGTGTTAAG TGCTGTTGCT GTAATTAGCA TGGGCTTATn	720
20	GTTTTATG	728

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 612:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 913 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 612:

	TATCAGAGCA AATAAGCAAG TTAGATAAAA AGATTTCTGA CTTACAATTA ATTAGACGCT	60
35	CTGTATGTGA ATTTATTAAA GGACTCTCTC TAATAGATAC CAGCATTTTA AACAAGACAC	120
	TACAGTCACA ATATGATAAA GAAGCATCTA TAAATATGG TCATACGAAA GCATATCAnT	180
40	CATTTATTAG ACGTAAAGAC AGCTTACAAT CGCAGGATAT CAGACATAAA TTGACAACTA	240
	TCTTCAATAA ATTTAATCAT ATGTCTTTGA GTCATTATCC AATCCAAGAT TGTAGTGATC	300
	TCGTATTTGA GTGGAAGGCA TTTATGAACA CTATCGCTGA TTTTGmTGAT GAAACATTAT	360
45	GCTGTATTGC TAAACATAT GAAGATGATA CGCGTTTCAA AGATTACTTT AATTCATATG	420
	ATAATCAAAA TTTAGCATCA TACATTTTCAAGCTGTTAA TTATTTTTTG AGCAATGTGA	480
	ATAAGAGCGA CAATTTTAA TCCTCATACA GATGCTACAA CACTGAATAC ACCAACTAAA	540
50	ATAATTGTTT AAAGTAGAAA ACTAATCATT TATTCTCTAA ATCAATAACT ATATTAAAAG	600
	TTATACCTTT GCAAAGCGAA TTAGTATAGG TTACCGAAAG GAGAAAGGAT TAGGTTCCAT	660
55	TCGATTTATA AAAAAATATA TTTCGAAACA TACAAAAGCG CCAGAAGATA ATCATTTTCCT	720

TCAATGCATA TTCAACTAGC TCAGGTTTAC TCTTTAAGCC AAGCTTTGTC ATAATATGCG 840
 TCTTATGTGC TTCTACTGTT TTCACAGATA CAAATAATTT CTCTGCAATT tCTTTATTCC 900
 5 CGTAACCTTT GGC 913

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 613:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 654 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 613:

ACAAGTGTG ATGTCATAGT AGCGTCAAWT GTGCTTTATT TCTGGGACAC ATTTAAATTT 60
 20 TTCCACCCCA TTACTTGGAG CTTAATCTTT ATTACAATTT TACTATTATT AAACATTTTT 120
 TCTGTAAAAT CATTGGAGA AACTGAGTTT TGGTTATCAT TGATTAAAGT GTTAACAATT 180
 25 ATCGTATTCG TTATTTTGG CTTTTTAATG ATTTTCGGTA TCTTAGGTGG TCATACATAT 240
 GGATTTGAAA ACTATACAAA AGGCCAAGCA CCGTTTGTTG GTGGTATCTC TGGTTTCTTA 300
 GGCGTATTAT TAGTCGCCGG ATTTTCGGTT GGTGGTACAG AAGTAGTAGC AGTAACTGCT 360
 30 GGTGAATCAG ATGACCCTAA AAAGTCTATG CCTAAGGCAA TTAAACAAGT ATTTTGGCGT 420
 ATTCTTTTAT TCTATGTCTT ATCAATTGCA GTAATTGGTG CAATTATTCC GTACACAGAT 480
 CCATCATTAT TAAGAGCAAG TAGTTCAATA AGTCAAAGCC CATTTACAAT TGTATTCGAT 540
 35 AGAGtAGgCA TAGCCTTTGC AGCATCAGTA ATCAACGCGG TTATTTTAAC TTCATTATTA 600
 TCCGCTGCAA ATTCAGGTGT TTATACAACA GGCAGAATGT TGTATTCCTT AAGT 654

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 614:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 642 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 614:

TCGATCTTTA TTGATAATAA TTAAATTGTC GCCTTTAAAA TGTGATATTA ATCCTGCGGC 60
 50 AGGnTGTACA ACGAGTGATG AACCTAGTAC AACAAGGGTG TCAGCATGTT CAATTTTATT 120
 TAATGCCCTT ATGATGGTAG GTTGATCTAA CATTTCACCG TATAATACGA TGTCCGGTCG 180
 55

ATAAGATTTA TGACATACAT TACAATAAAA ACGATTTAAC GTGCCATGTA ATTCATCAAC 300
 ATGTTGACTT CCAGCGTCTG AGTGCAAACC ATCGATATTT TCGGTGATGA CACCTAAAGA 360
 5 TTGTTGATTA CGTTCTAATT TTGCAATCCA ATCATGAACG ATATTGGGCA TCGTATCGAC 420
 AAATAGTAAG CGCTTATGGC AGAAATTGAT AAAACCTTCA GGATCATCTT CTAAATAATC 480
 10 ACGGCTTAAC AAGTATTCTG GCGAAAGCCC ATCTTTTGaA ATTTTCATCAA ATAAGCCACC 540
 CATTGaACGG AAATCTGGAA CGCCACTTGC GACAGATACA CCAGCACCTG TAAAAAATGT 600
 AATACGATTC GAACTATCTA TAATATGTTT TAGTGTCTCT AA 642

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 615:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1210 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 615:

TTTCCCCnCC CCnCCAAATA TCCAAnGGAA CTTTAATAGT CCAATTGGCA CAGTAAAACT 60
 ATGGCATTIT ATAAGTATAA TATATCTGTA ATTTATGGTC AATTAGTAAA TGTITTTTTA 120
 30 TTTGAAACAT ATTTACATc AAAATCACAA AGACTTTTAG ATTTTGtTCT AAAAATCTCT 180
 TAATAATTTA TTTAATGAGA AGAGTTGCTT ATATAGTAAA TTGTGAAGCC GTTAAACAA 240
 CGTTACAAAA CCTATATCTT TAATACGGAA CCATATGGTA TGAATCAAGG AATACTTAAA 300
 35 CTAAAACTTC TCTATCAGAT TTATTGTTG CGAAATCAAC AACTTTAATT GCTTGCCCTT 360
 CATTTAATGG ATAATTTGCT TGGCTAATTT TAACTTTTAC AATTGACCT ATGAGTGATT 420
 CGTCACCTTC AAATTGTACT TTCATATAAT TATCTGCATA TCCAATAAT GTACCTTCTG 480
 40 TGtCACCCTG TTCCTCAGGA ATTACTTCAA GCACATCTTG ATCAAATTTA GACGCATATA 540
 ACTTTCCGAG TTGATTGCTT AGCGTAATTA ACTTATGCAC CCGTTCATTT TTAATTTCTT 600
 45 CATCAATTTG GTCATCCATT CTTGCAGCTG GCGTGCCAAT TCTAGGAGAA TAAGGGAAAA 660
 CATGCAGTTC AGAGAACTTA TGCTTACGA TAAATCATA TGTTTCTTGG AACTCAGCTT 720
 CAGTTTCACC TGGGAAACCA ACAATTACAT CACTCGTAay TGCCAAGTCT GTTAAAGCTT 780
 50 TATGCAATTT TGTTAATCGT TCTGAAAATC TATCCATTGT AACTTACGT CTCATACGTT 840
 TTAATACTGT ATCTGAACCA GATTGTAATG GAATATGCAA ATGACGCACA ACTTTTGTG 900
 AACGTTCTAA AACGTCAATT ACTTCATCTG TAAGTTGACT TGCTTCAATT GAAGAAATTC 960
 55

CTTTTAAATC TTGACCATAT CCACCTGTAT GAATTCCCGT CAATACAATT TCCTTATATC 1080
 CTGAATTCAC TAGTTGCGTC GCTTGTTCAC CTACTTTTTC CGGATCTCTT GAACGCATTA 1140
 5 AGCCACGAGC CCATGGAATA ATACAGAATG TGCAGAAGTT GTTACAACCT TCTTGAATTT 1200
 TTAATGACGC 1210

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 616:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 652 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 15 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 616:

20 TAATAAAATA CAATACTTTT CAATACAGAG AATCCCGCAA TGTGGGATT CTTATTTATG 60
 CTGATTTTGT TTTTGTCTAT GATCAGGGAC TTtCAGGGAC TCAATTAATT ATCACATTCA 120
 TATTTTCTTA TGACCAAATT GATACATATG ATGCTATTTA ATGAGAAAAT TAGGCATCAC 180
 25 TTGGTTATTG AATTTCTTTC ATTAACTTT CCAGCTCAAT TTAATAGTTA GTCGACTATT 240
 ATTCATTAAA CACTTTTTTAA TCATAAAAAA GTGTTTTTGTa TAATTCACTa CCaAAAAACAC 300
 CTTCTTACTT ATAATTCTAT TTGTTACCA TTTCTAATCT TATCGGCTAA ATCATTCACT 360
 TTTCTTAATC GGTGATTAC ACCTGATTTT GAAATTGGAC CAGTTGATAC CATTCTCCA 420
 AGCTCTTTCA ACGAAATTTT TTGATGTTCT ACTCGAATTC TAGCAATCTC TCTCAACCTG 480
 35 TCTGGTAAAT TTTCAATACC AATTTCTTTA TCAATCAATT TAATGCTCTC AACTTGTTTC 540
 ATCGCAGCAC TAACTGTTTT ATTTAGATTG GcCGTTTCAC AATTAAACGAG TCGGTTAACA 600
 GAATTACGCA TATCTCTTAC AATACGTACG TCTTCAAATT TTAATAACGC TT 652

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 617:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 798 base pairs
 45 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 617:

50 TnACCACTTT AAAATAGCGC TTAATAAAAtG AAGGGGGCAA GTCTTATGAC GtTTTACaAT 60
 TTCATCaTGG GTTTTCAAAA TGtTAACACA CCATTTGGTA TATTGGCCGa ACACGTTAGT 120

TCTAATTACA CAGATCATCA ATTAATTGAA ACTACAAATA GAGCTATTAG CTTATATATG 240
 GCAAATTAAT TTGAGTAGTA CCAATTATGA TGTATTAGTG CATCCCAAAT ATCTTTTGGT 300
 5 TTAAGTTTA TTTTCATCATT TCTTATCGAA AATGGTGTA TAATGTCTTT ATCTAACCAA 360
 GTGTTGATAA GTTCATTTGG TACACCATCT AACAAACATTT CACTTTTACT AATTATAAAA 420
 CATTCCCAGT CAAGTGAAAC ATTTTGTGGA TTCACATAAT TACATTGATT ATGATTATCC 480
 10 ATAAACACTC ACTCCTTTAA AATTCTGTAC TCTTCATTGC GTTTTACCCC GTCACATTAT 540
 CTTTAAACT AAAATCATCA TTACTTATGA AAAAAATGTA CATCAAAAGC AAAGGTTTTTC 600
 15 GCTACCGAAA AAGTTTAAAT AATGGTtAA TATATtGGT ACTCATTTTA ATAAAAAGAG 660
 AATACATTTT GAGCTATCAA TACTTTTTAT TGAAGAGGTG TTATTsyTGG CTAAAACGTT 720
 ATATTTAATG CGCCACGGAC AAACTTTGTT TAATTTTAAG GGACTAATTc AGGGATTGG 780
 20 AGATTGCGCG CTAACAGA 798

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 618:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 25 (A) LENGTH: 1786 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

30

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 618:

ATACGCTCAA TTGATAAAAA TTTAATATCT GCCATTTGTA TACGCATCGC TTCGAATGTT 60
 35 TCCGTTGCAA TATCAAATGA TAATTGTGAC TGGAACCTTA AACATCGAAT CATACGTAAA 120
 GCATCTTCTT GGAATCGTTC CTCAGCTATA CCTACAGTTC TTATTATTCG ATTATTAATA 180
 TCTTGTTGAC CATCAAAATA ATCATACAAT TTGTATGCTG TATCCATTGC TATCGCATTC 240
 40 ATCGTGAAAT CTCGTCGTTG CAAATCTTCG TATAAATCAC GAACAAATGT AACACCACTT 300
 GGTCTACGGT GATCGACATA ATCTTCTTCA GCCCGGAATG TTGTCACTTC ATAATTTtCA 360
 45 TCATtAAAAa CTACATTtAT CGTGCCAtGT yCTThACCTA CAGGTATCGT ATGACTAAAG 420
 ATAGATTCTA TTTTCATCCGG CGTTGCACTT GTTGTGATAT CTATATCATG AATATTTCTT 480
 CCCATGACAT AATCTCTTAC AGAGCCACCT ACATAATATG CTTCAAACC ATTGTCTTGA 540
 50 ATTTGTTCTA ATATAGGCCT TGCCTGTTCA AATAATGATT TATCCATATT ATTACTCGCC 600
 TTTACTTTTG TTATGCTCAT TTAGCATTTT TTGATAATAA TACTCATATT GATCTGTAAT 660
 AAGTTCTGAT CCAAAACGTT CAGCAATATC TGCTAGCATG TTTTCTGAA GTTTGTTGTA 720
 55

	ATCTACGACA AATCCAGTTT CACCATGTTT AATAACCTCT TTAATTCAC CGGCATTGGA	840
	ACCAATTGGA ACGACGCCTG TwTTCATAGC CTCAAGTAAA GTTAGTCCAA AGCTTTCTTT	900
5	TTCACTTAAT AATAATACTA AGTCAGATAA TTGGTAAAAT TCACTTACGC AATCTTGTTT	960
	CCCTAAAAAT AAAACATCCT CTTCTACGTT TAACTCTTTC GTCAATTGAC GCATTGGCAC	1020
10	TAATTCAGGA CCATCTCCAA GTAAAATTAA TTTACTAGGT ATCTTTTCAC GTACTTTTGC	1080
	AAATGTTTCT ATAATAGTAT CTATGCGTTT TACTTGTCTA AAATTCGATA CATGTATTAA	1140
	CACTTTTTC TCTGGTGCTA TACCAAATTG TGATTTTAAT GCTGTGTTAT GTTTAGTTGG	1200
15	AAACTCATTT TCACGTACAA AATTATAAAT CGGTATAATT TCTTTGTTAG TTTCAATAAT	1260
	TTCAITGTT TCTTGTGCTA AAGATTTACT CACACTTGTC ACAATATCAC TTTTTTCAAT	1320
	GCCAAATTTA ATTGCACCTT GGAGTGAATG ATCATAGCCC AAAACAGTAA TATCAGTACC	1380
20	GTGTAGCGTT GTCATAATTT TTATATCTTT ACCTGACATC TCACGAGCTA AAATCCCACA	1440
	AATTGCATGA GGTACAGCAT AGTGCATATG CAACAAATCA AGATCATATT CTTTAATAAC	1500
25	TTCAGCGATT TTAGTACTTA ACGTAATATC ATACGGTGGA TACTGAAATA CTGCATATTG	1560
	ATTCACTTCA ACTTGATGAA AAATCATATT CGGTAATGGT TTTCTTATTC TAAACGGGAT	1620
	ATTTGAAGTG ATAAAATGTA cTTCGTGACC TCGCTCTGCT AATTTAATTC CTAATTCTGT	1680
30	GGCAATAATT CCAGAACCAC CCATGGACGG GTAACATGTT ATACCTATCn TCATTGCGTT	1740
	GCCCATCCTT TCTTTCTATT TCTCnCTATG ATnCTCGATG CGTAGA	1786

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 619:

35	(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
	(A) LENGTH: 844 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
40	(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 619:

45	ACAGGTATGG ACTTnGCTCA AATGACACGA CATTATTTAT CAAGACCTAT TGCTATAATC	60
	TTTTGGATCA TTGCAGAACT AGCAATTATC GCTACAGATA TTGCTGAGGT TATTGGTAGT	120
	GCTATTGCTC TTAATCTCCT ATTTAACATA CCTTTAATCG TCGGTGCACT AATAACTGTA	180
50	CTTGATGTAT TTTTACTACT TTTTATAATG AAATATGGTT TTAGAAAAAT TGAAGCTATT	240
	GTTGGTACAT TAATTTTCAC AGTGTATTTC ATCTTTATAT TTGAAGTCTA TATTTCATCA	300
55	CCACAGTTGA ATGCTGTGTT AAATGGATTT ATACCACATA GTGAAATCAT TACAAATAAC	360

TTACATTTCAT CAATTGTACA ATCTAGAACA TACTCAAGAC ATAACAATGA AGAAAAAGCG 480
 CAAGGaTTAA ATTTGCTACG ATAGATTTCGA ACATTTCAGTT ATCAATCGCA TTTGTAGTCA 540
 5 ATTGCTTATT ATTAGTGtTA GGAGCATCAC TATTTTtCAA CTCAAATGCT GACGATTTAG 600
 GTGGTTTCTA TGATTTATAT CACGCCTTAA AACTGAACC TGTACTAGGT GCAACAATGG 660
 GTGCAATCAT GAGTACATTA TTTGCAGTTG CATTATTAGC GTCAGGTCAA AATTCAACGA 720
 10 TTACTGGTAC TTTAGCAGGA CAAATTGTAA TGGAAGGATT TTTAAGATTA CACATACCAA 780
 ATTGGTAAAG ACGTTTAATT ACACGTTCTC TTGCTGTCAT TCCTGTTATC GTATGCTTAA 840
 15 TCAT 844

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 620:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

20 (A) LENGTH: 574 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

25 . (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 620:

TGTATTGCAG TCATGCCATA AATTTTTTTGA ATAATAAACG GAGACGCAGA AATATAAGTA 60
 30 AATAATATTA CAAATGTCAT ACCTTGAAT GAGCATTGGT AATACAAAAC GTGGCGTCTT 120
 CAnTAATATT TTGAAGTTTT TAAACATTGT CTTTAaTCCA CTACTTGA CTACTTGA CTACTTGA 180
 CACTGTTAAT GATTGAGTA CTTTAAATAA AGAACCTATG ACCATGACGA AGCCAAAGAT 240
 35 AGTCAGAATG ACAAAGACCA TACGCCAGAC AGAATAATTT AAAATTATGC CCCCTATTGT 300
 TGGCGCAACA ACTGGTGCAA TACCATTAAC AAGCATCAAT AATGCCATAA ACTTAGTTAG 360
 TTCATTACCA CTATACATAT CACTTGCTAT AGCTCTTGAA ATAAGTCTG tGCGCCACCT 420
 40 GTCACTCCTT GAAGaAATCT TAATGCAACC ATCAGCCAAA TATTATGTAC AAAAACAATA 480
 CCTAACTTG CTAATGTAAA AATAATCATA GCTATAATAA GCGGCTTTCT GCGCCAGTT 540
 45 GAATCTGAAA TTGGACnAGC AACCAAATTA CCAA 574

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 621:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

50 (A) LENGTH: 523 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

55

AAGCAAGAGA GAGTACAACA TTTATATGAT ATTAAAGACT TACATCGATA CTACTCATCA 60
 5 GAAAGTTTGT AATTTCAGTAA TATTAGTGGT AAGGTTGAAA ATTATAACGG TTCTAACGTT 120
 GTACGCTTTA ACCAAGAAAA TCAAAATCAC CAATTATTCT TATTAGGTAA AGATAAAGAG 180
 AAATATAAAG AAGGCATTGA AGGCAAAGAT GTCTTTGTGG TAAAAGAATT AATTGATCCA 240
 10 AACGGTAGAT TATCTACTGT TGGTGGTGTG ACTAAGAAAA ATAACAAATC TTCTGAAACT 300
 AATACACATT TATTTGTAA TAAAGTGTAT GGCGGAAATT TAGATGCATC AATTGACTCA 360
 TTTTCAATTA ATAAAGAAGA AGTTTCACTG AAAGAACTTG aTTTCAAAAT TAGACAACAT 420
 15 TTAGTTAAAA ATTATGGTTT ATATAAAGGT ACGACTAAAT ACGGTAAGaT CACTATCAAT 480
 TTGAAAGATG GAGAAAAGCA AGAAATTGAT TTAGGTGATA AAT 523

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 622:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1871 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 622:

30 AGAAGTGTGA nAAAAATTTA AnAGAGATAT GCACATAGAT GACGCATTGC TATATCCAAG 60
 CAATTGAGAA AGCTGCTGAT GCTCCAAATC aCGGAATGAG GGAACCATGG AGAGTTGTGC 120
 ATGTTCCGAA AGACAGATTA GGAGATATGA GTAAGGATAT TTCTAAATTT GCATTTCCTA 180
 35 ATGAATTAGA TAAGCAACAA TGTCATTATG ATGCAGTTAC GAAACTAGGT GGCATGTTAT 240
 TGCTTATTTT AAAACAGAT CCAAGACAAC GTCAAAATGA TGAAAACTAC TTTGCATTTG 300
 tGCATATGCA CAAATCTTA TGTGTACT TTATGAAGCG GGAATAGGTA CATGTTGGAA 360
 40 aTCGCCATTA TATATCTATG ATCCTAAAGT AAGnAAACAC TTGGTATAAA GnAAGATGAA 420
 GTTCTTGCTG GATTCTTATA TTTAACGGAT TTAGAAGnAG ATATGCCTAA AGCACCACGT 480
 45 AAAAATAGAA ACTTAATTAC ATTATATTAA TATGTATAAT TATAGAAACA TTAATAAAAG 540
 CTGAGTCATG AATTGATGGA CATCTATCGA GTTAGAGATT TAATCTAACT TACTAGAGTC 600
 GGTACAATAA CAGTCTCAGC TTTTATTGT GCAGTATATA CACATTTTTA TTTTAGTATT 660
 50 TATTtAAAAG TtCTGCTaA AAATGATTCA ACTTGTTTcAG GTGACTTAGC ATTTGCTGAA 720
 TGAAGGTGTG CAATTTTATC GCCGTTTTTA AATACTAGCA AGCTAGGGAT ACCCATAACT 780
 55 TCATTTTCAA CAACTACATC TTCTAATTCA TCACGATTAA CAGTATACCA TTGGTAATCA 840

CCTGCCTCAA ATTTAACAAT TACAGGTGTA TCGCTATTAA TTACAGATTT AAATGATTCA 960
 TTACTTTTGA TTGATTGCAT TGTAACAACT CCTCTAGATA GTTTAATAAT TTTTATTATA 1020
 5 GCTAAATTTA TATCATAATA AAAAATTTTA GCTTCAAAAT GAAAGCCTTT TGCTTTGGAA 1080
 AATGATATAT TTATTTTAAA TACATAAAGG AGGTTGCAGT CGTATGATTA AATTTTACCA 1140
 10 ATATAAGAAT TGTACAACTT GTAAAAAGGC AGCAAAGTTT TTAGATGAAT aTGGCGTAAG 1200
 TTATGAACCA ATTGATATCG TTCAACATAC ACCTACAATA AATGAATTTA AAACAATAAT 1260
 TGCAATACA GCGGTAGAAA TTAATAAATT GTTTAATACA CACGGCGCGA AATATCGTGA 1320
 15 GCTTGATTTG AAAAATAAAT TACAAACTTT ATCAGATGAT GAAAAGTTAG AGTTGTTATC 1380
 ATCTGATGGT ATGTTAGTAA AGCGTCCTCT AGCAGTAATG GCGGATAAGA TAACATTAGG 1440
 ATTTAAAGAA GATCAATATA AAGAGACTTG GTTAGCGTAA GTGaAATGTA AGCGTTTACT 1500
 20 AAATATCTCG ATATTTAGAT TCATTACATG TAAATGAAA TAAGCTATAC AATTGTTAAT 1560
 TTTTATAAAT ATAGTTGAAT AGCATCTAGC CTTATGGCAT CATTAAATGAT GTAAAGATTA 1620
 ATTAGGAGGG GATTCTCTTG GCAGTACCAA ATGAAYTGAA ATATTCAAAA GAGCATGAAT 1680
 25 GGGTTAAAGT TGAAGGTAAT GTAGCAATAA TTGGAATCAC AGAATACGCA CAAAGCGAGT 1740
 TAGGTGATAT TGTTTTCGTT GAATTACCAG AAACAGATGA TGAAATTAAT GAAGGGGATA 1800
 30 CGTTTGGTAG CGTAGAATCA GTTAAACTG TATCAGAATT ATATGCACCA ATCTCTGGTA 1860
 AAGTAGTTnA A 1871

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 623:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 451 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 623:

45 TTGCTGTAGA AGATAAAGAG TCCCATCAAT GGATAGGCTT TATAGGTTTG AATTATATTC 60
 CAGAAACAAG CGATTATCCA TTAAAGAAT TACCGCTTTA TGAAATAGGT TGGCGCTTGT 120
 TGCCAGAATT TTGGGGAAAA GGATTAGCAA CTGAAGGCGC AAAGGCAACA TTGAAGTTAG 180
 50 CAGAAGAACA TCAATATAC GATGTCTATA GTTTTACAGC AGAAGCAAAT AAAGCTTCAC 240
 AACGTGTAAT GGAAAAAATT GGCATGACAG TGTATGATCA TTTCGAATTA CCAATCTAA 300
 55 GTAAGTATCA TTTATTaAAA AGGCAAGTGC GCTATTACAT TAATCTTCcG AAAGTGGA 360

ATTAgGGGGT GcTTnGtKtN ATTTTTTTAA n

451

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 624:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 665 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 624:

15	CGATAGTTAT CTAAAGCCAT TTTnGATTGT GTTATGAAAT CTAATGATGC GTGATAATTT	60
	AATGCrACAT AACGrTaATA TAAAATATCA ATAGTGAACA TTTGAGCAAA TAATGAAGTT	120
	GTTGCTCCCA TATGCATCTC ATTTTCATCA GTTTTCCCAT AAGTTAAAAC AATATTTGAT	180
20	GCCTGTGCTA CGGGATTATC CCTTGTAATA GTAATTGTAA TTATAGGTAT ATGGTAGTCA	240
	TCAATAACTT TAACCATTGA TTGCATTTC CTTTGCCTAC CATTGTTAGT AATAAGAATA	300
	aCACTGTCGT TCGAATTGTG AGTTGCTAAT AATGTAGCAA AAATATGTGT TTCTTGAACA	360
25	AGTTGAATAT TAAGACCTAT TCTTGATAAC TTTTGGTATA AGTCGGTAGC AACTACAAAA	420
	GATGCGCCAA AACCATATAT AAAAATCGTC TCAGAACGTT TTAAACAATG ACATATTTGA	480
30	TCAATAGTTT TATCATTTAA TTCGTTATTT GCATGATTAA GTGCGCGTGT AGTACGTGTA	540
	TGGAGTTTAG TTCTTAAAGA TTCTGTGCTT TCGTTATTCA TTAATTCAAC ATTGTAAATT	600
	GATGATGCTT TAGGAACATA TTTAGATATA TTTATTTTCA AGTCGTGAAA ACCGCCATCA	660
35	GTAAT	665

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 625:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2549 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 625:

	GATGCCAATT AACCGTGCAT ATAATGTTGA GAAGTTAATC GAAGCAATTC AATATTATCA	60
50	AGAAAAAACA AATCGTCGTG TTAATTTTGA ATATGGTCTG TTTGGTGGTG TGAATGACCA	120
	ACTAGAACAT GCAAGAGAAT TAGCACATTT AwTAAAAGGC TTAAACTGCC ATGTTAACCT	180
	AATTCctGTC AACCATGTTC CAGAAAGAAA TTATGTGAAA ACGGCTAAAA ATGATATCTT	240

	TTCGGATATT GACGCAGCTT GTGGTCAATT AAGAGCAAAG GAACGACAAG TAGAAACGAG	360
	GTAAAGACAA ATGCTAGAGG CACAATTTTT TACTGATACT GGACAACATA GAGATAAGAA	420
5	TGAAGATGCG GGTGGTATTT TTTATAATCA AACTAATCAA CAACTTTTAG TTCTGTGTGA	480
	TGGTATGGGT GGCCATAAAG CAGGAGAAGT TGCAAGTAA TTTGTTACAG ATGAGTTGAA	540
	ATCYCGTTTT GAAGCGGAAA ATCTTATAGA ACAACATCAA GCTGAAAATT GGTGCGTAA	600
10	TAATATAAAA GATATAAATT TTCAGTTATA TCACTATGCA CAAGAAAATG CAGAATATAA	660
	AGGTATGGGT ACAACATGTG TTTGTGCACT TGTTTTTGAA AAATCAGTTG TGATAGCAAA	720
15	TGTCGGTGAT TCTAGAGCCT ATGTTATTAA TAGTCGACAA ATTGAACAAA TTACTAGTGA	780
	TCACTCATTT GTTAATCATC TTGTTTTAAC GGGTCAAATT ACGCCGGAAG AAGCATTTAC	840
	ACATCCACAA CGTAATATTA TTACGAAGGT GATGGGCACA GATAAACGTG TGAGTCCAGA	900
20	TTTGTTTATT AAGCGATTAA ATTTTTATGA TTATTTATTA TTAAATTCAG ATGGATTAAC	960
	TGATTATGTT AAAGACAATG AAATTAAGCG TTTGTTAGTA AAAGAAGGTA CAATAGAAGA	1020
	TCATGGTGAT CAATTAATGC AATTGGCATT AGATAACCAT TCGAAAGATA ACGTTACTTT	1080
25	CATACTCGCG GCTATTGAAG GTGATAAAGT ATGATAGGTA AAATAATAAA TGAACGATAT	1140
	AAAATTGTAG ATAAGCTTGG CGGCGGTGGC ATGAGTACCG TTTATCTTGC TGAAGATACG	1200
30	ATACTTAACA TTAAAGTTGC AATTAAGGCG ATTTTTATAC CACCTAGAGA AAAAGAAGAA	1260
	ACATTAAAAC GTTTTGAACG AGAAGTACAT AACTCATCAC AGCTATCACA TCAAAATATA	1320
	GTAAGTATGA TCGATGTTGA TGAAGAAGAT GACTGTTACT ACTTAGTAAT GGAATATATC	1380
35	GAAGGTCCGA CTTTGTCTGA GTATATTGAA AGTCATGGGC CATTAAGTGT TGACACAGCG	1440
	ATTAATTTTA CGAATCAAAT ATTGGATGGC ATTAAACATG CGCATGATAT GCGTATTGTA	1500
	CATAGAGATA TTAAGCCACA AAATATATTA ATTGACAGCA ATAAAACGTT GAAAATATTT	1560
40	GATTTTGGAA TTGCTAAAGC TTTAAGTGAG ACGTCTTTAA CTCAGACTAA TCATGTGTTA	1620
	GGTACTGTGC AGTACTTTTC GCCAGAACAA GCAAAAGGTG AGGCAACGGA TGAATGTACA	1680
45	GATATTTATT CTATAGGTAT KGTGTTATAT GAAaTGCTTG TTGGTGAACC ACCCTTTAAT	1740
	GGAGAAACTG CAGTTAGCAT TGCGATTAAA CATATTCAGG ATTCTGTGCC AAATGTGACA	1800
	ACAGATGTAC GTAAGGATAT TCCGCAATCT TTAAGTAATG TCATTTTACG CGCTACAGAA	1860
50	AAAGACnAAG CGAATCGTTA CAAAACAATT CAAGAAATGA AAGATGATTT GAGTAGTGTT	1920
	TTACATGAAA ATCGAGCGAA TGAAGATGTC TATGAACGCG ATAAAATGAA AACGATAGCG	1980
55	GTACCTTTGA AAAAAGAAGA TCTAGCAAAG CATATTAGTG AACATAAGTC GAATCAACCT	2040

AGCCAGAAGG TACGGTGTAC GAACCAAAAC CTAAAAAGAA ATCAACACGA AAGATTGTGC 2160
 TCTTATCACT AATCTTTTCG TTGTTAATGA TTGCACTTGT TTCTTTTGTG GCAATGGCAA 2220
 5 TGTTTGGTAA TAAATACGAA GAGaCACCTG ATGTAATCGG GAAATCTGTA AAAGAAGCAG 2280
 AGCAAATATT CAATAAAAAC AACCTGAAAT TGGGTAAAAT TTCTAGAAAGT TATAGTGATA 2340
 AATATCCTGA AAATGAAATT ATTAAGACAA CTCCTAATAC TGGTGAACGT GTTGAACGTG 2400
 10 GTGACAGTGT TGATGTTGTT ATATCAAAGG GCCCTGAAAA GGTTAAAATG CCAAATGTCA 2460
 TTGGTTTACC TAAGGAGGAA GCCTTGCAGA AATTAAAATC GTTAGGTCTT AAAGATGTTA 2520
 15 CGATTGAAAA AGTATATAAT AATCAAGCG 2549

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 626:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

20 (A) LENGTH: 2286 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 626:

TGCTTACTTC GCCTTCAATA CGTACTAATT CATGTCCACA ACTTGGACAA TGGGTTGGCA 60
 30 TATGATATGT GACAGCATCC TCAGGTCTAC GTTCTGGAAT ACTACGTACA ACTTCAGGTA 120
 TGATGTCACC TGCTTTTTTC ACTACAACAC TATCACCAAT TCGAATATCT CTGTCATGAA 180
 TTAAATCCTC ATTGTGCAAA GATGCTCTTG aTACAGTTGT ACCAGCTACT TTTACTGGTT 240
 35 CTAAAATAGC AGTAGGTGTG ACTACACCTG TTCGTCCAAT ACTTAATTCA ATATCTAATA 300
 ATTTAGTTAC TACTTCCTCA GCTGGAAATT TATAAGCAAT GGCCCATCTA GGAGATTTTT 360
 GTGTGAATCC CATCTCATCC TGTGATCTA AATCATTAAC CTTAATAACA ATCCCATCAA 420
 40 TATCATAAGG TAATGACTCT CTTTGGCTTG TCCATTTTTC AATATACTCT AAAACACCAT 480
 CGATATTATT TACACGCGCT CTATTTTAT TCGTTGTAAA ACCTAATTTA TCTAACTCAT 540
 CTAATGCTTC ACTTTGCGAA CGCGCATTGA AATCAGTGAA ATCATTGACA CTATATATAA 600
 45 ATACGCTTAG CTTTCGTTTT GCCGTTAATT TAGAATCTAA CTGTCTTAAT GATCCCGCAG 660
 CAGCGTTTCT TGGATTnGCA AATAACTGCT CATCATTTTT TTCTTTTTCT TCATTTAATC 720
 50 GTAAAAATGA ACGTCTCGGC ATATATGCTT CACCACGAAC TTCTACATTT AATGGtTCTT 780
 TCATTTTCAA AGGTATCGCA TGAATTGTTT TTaAATTTTC GGTAATATCT TCACCTGTTG 840
 TTCCATCACC ACGTGTTAAA CCTTGaACGA AGTATCCATC AACATATTTT AATGATACTG 900

GTTGGTCGAA TTTTCTCAAA TCATCCTCAT TAAATGCATT CCCTAAACTT AACATTGGCG 1020
 TGTTCATGGTT GACTTTATTG AAAGAGGCTT GGGCTTCACC GCCAACTCTA ACTGTTGGAG 1080
 5 AATCTACAGT CTTATACTCA GGATGCTCCT CTTCTATTTT AATCAGTTCA TGAAGTAATT 1140
 TGTTCATATTC ACTATCTGGT ACAGATGGAT TATCCTCTAC ATAGTATTCA TAACTGTATT 1200
 GATTTAATAA ATCATGTAAC TCGTTCACAC GAGACGATAA ATCAGCCATC CCTTAATCCT 1260
 10 CCTTTTTTtC AATTGGTGCA AATTGCGCTA ACAAACGTTT TGGCCCTTGT GATTTAAAGA 1320
 TAATATCTAG TTCGATTGAG CCATTTTCTT CGTTTACATT ACTCACCATG CCTTCTCCCC 1380
 15 AGGCTTTATG CATCACTTTG TCACCTACAT TCCAATCAGA TGACAATACT TGTTTTTTTCG 1440
 TTGACGTTGT TCGTTGACTA AATCCGCGTT TAGCAAAAGG TTTTGCCTTA GGTTGTATCG 1500
 TTTGTCGTTT GCCACTTGAA TGATTTTCTA ATAGTGATTC TGGAATTTC TTTAAAAATC 1560
 20 TGGATGGCAT ATTTGACTGA GGGCGACCAA ATAACATTCT TGATGTCGCA TGAGTGATAT 1620
 ATAACACCTC TTCAGCCCTT GTAATTGCTA CATAACAAAT ACGACGTTCT TCTTGCATTT 1680
 CATGATCATC TTCACTCTTA ATCGCTCTAA TATGTGGGAA TAAAGATTCT TCCATCCCCA 1740
 25 TTATAAAGAC AATTGGAAAT TCAAGGCCCT TAGCCGAGTG CATCGTCATT AGTGTTACGC 1800
 CATTTTCAGT ATCTGCCTCA TCAATATCAG CTACTAACGA TAAATCCGTT AAAAAGTTAA 1860
 TTAATGACTG TTCTTCTAAT GGGGTATTTT CCTCATAGTC TTTTGGTACT GACATAAATT 1920
 30 CATCGATGTT TTCTAATCTA CTTGAGATT CTAATGTATT TTCACGTTCA AGCATTTCTC 1980
 GATAGCCAGA CTTTTGTAAT ACTTCATCAA CTATTTCATG AATTTCTAAA AATTCTTGTT 2040
 35 CTTTATCAA GCTTTGGATT AACTCGTAAA AATTAAGACA CTCTTGTC ACCTTTTTTG 2100
 aCAATCCGAT AAAATCAGCT TCTCCAAGTG CATCAAACAT ACTGATATTG TTTTGAAGTG 2160
 CATAGTTTTG AACTTTTTCA ACAGATGAAG GACCTACACC TCTTTTTGGA ACATTaATAA 2220
 40 TACGTTGCAA ACTAATGTCA TCATTACTAT TGGCAATTAT ACGCAAATAA CTTAATAAAT 2280
 CTTTGA 2286

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 627:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 400 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 627:

TGACATTAAA AGTTGGGTGA AnAAACAAGG CATACTTTAG TTAAGCTTGA TGAAAATAAC 120
 AATGGAATTa ATGCGATTAT TCAAAAAGAA AAAGCAAAAG ATTTAGATAT AAATTATTCT 180
 5 GCTAAAGGTA CTACCAATTG TATTATTTAG TGGAGAATTa GACAAGCTGT AGCAGCGTTG 240
 ATTATTGCCA ATGGTGCTAG AGCTGCTGGA AAAGATGTAA CTACCTCCTT ACTTTTTTGGG 300
 GGCTTATGCC nTTAAAAAAG TGCCACCGTT AATGTTAAAA GCAGTTGCCA AAATGTTTGA 360
 10 TThATGTTGC CCCAAAAGAT TTACGATGCC CCTTCCCAAA 400

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 628:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 453 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 628:

AATAATTTGG GCGCTnTTTG CGTCGGGATA TTATACCGCT TCCTTAATTG TTCAACATTG 60
 25 TAATCACTGT TTTTCAATTG ATATTTTGCA GAGTAAATTG GTACTTCTGG GTTATATGAC 120
 ACTTCGTCCT CTTTATAGTT TTCCAATTCT TTGAAATTCC CGTATTGTAC AAAGAAGTTA 180
 AATTCCTCGA TTTCTTTTTT TACTTTTTTCG TCATCGATTG GTTTTAATGG AATCATTTTA 240
 30 TTAkTTTCCA TTTTCACAGG ATATCTTTTT GTATGATTGT GTGTCATTCC ATCGCTATCT 300
 TCAACAACCT CTCTAACAAT ATAATGCCCT TTAGCCGTC TAGTATTTCT GTTAATTTCT 360
 35 AAAACTGCTC CTCTrGATTC CAGATTTTCT CCTTTTAATT GGATTTTCAT TTCAGATCTA 420
 ATTAGcCAAG TACCTTTATC ATCTtTTTtA AAT 453

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 629:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1221 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 629:

TCATATGCAT TTGCAAAATA AACGCCAGAA GCAAGGTTTA GAATTGGGCC GTCCGTTTTG 60
 50 CTCAaTTCAC TTGcATTCAA TAATTCATGC TGATCATGAT CAATTTGCTT ATCTAATTCT 120
 GCaATTTTCT TCATTTGCTT ATCTGATTG TTTTCTTTTCG CCATCATTTG ATCAGGACGA 180

GCTAATGGTA CTAATACTTT ATCTCCATAT GTGTCAATAA AGTTATAAAA ATAATCATCT 300
 GTTTTGTGATA CAAATCCAGC ACGCTCTTCA GTTTCACGAT ATAAATCTAA GAAAAGATTG 360
 5 AACTCATCAC GTTCAAGGAA TCTGACTTTA ACACCATAGT TTATCGCTTT ATTAAATATTA 420
 CGTTTACGTT GACTATCAAA TGTCTTTTTT AATGTTTCGG GTGTTTACC TTCAAGGTTT 480
 AATACGCCCA TCCATCGTAC TTGGCTCGAT GTATCATACT CAGTTGTAAA GCCATGATGC 540
 10 TCGTAACCAT GTGATTTAAA CAAGTTTACT AGGGCATCAT TTTTCTCGCG ACCTTCAAAT 600
 GGCACGATAT CTTTATCATA TAGATGATAT AACCAATACG GATCTAATTT AACATATAAA 660
 15 CATTGATGTT GCTGTAAATA TTTATCTAAC TCTTTTAAAT AATAATCAAC TAATCCTAAA 720
 TCTGAAAAAT CCATTACTGG ACCACGATTC GAATAGTAAA CATAACTTCC CATAGTAGGA 780
 ATTTTAGAGA AAAGGCTTGC TGCAATTACT TTGTTATTGT CGTCTTTAAT ACCTAATAAA 840
 20 ACTACTTCAA AGCCATCATT CTCACGGGTA ACTATATTTT CTTTACTTGG GAAATAATGA 900
 CTTTCCAATG ATGGATTTTG TACAAAGTTG TCAAATTCGG TAACAGTTAA CTCTGTAAAT 960
 TTCATGTTTT GATAATTCCT TCCTAAAAAA TTCTGTCTTT AACTTTTTTA AGTGCGGTAT 1020
 25 ATGCTGCGTA AACAGGTTTA TTAATTGGTT TAATAAAGTC ACCAACATAT TCMATAATTT 1080
 CAGCATTGTA ACCTTTTTTG AATTAACTA CACCAGCATC TTCAGCATCT TCTGTAAATT 1140
 TrCCACTAAC ACCATAGAAA TTATAACGGT CAATGCATGA TTTAATGCAT AATTAATCAT 1200
 30 TTCCCATTCG ACTGCATAAC T 1221

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 630:

35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1121 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

40

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 630:

TGGCCCAANT AACACAAGTA ATTGCTGCTA ATGGTAACAT CACAAAAAAT GAAATCGTAA 60
 45 CTACAAATGT TAAACCTTGG AATACACCAA CCATTTCTGG TAATCGTTTA CTATAGTATC 120
 TATTGTGAAT CCAAGTAATA ATAGCTGAAA TAATAATACC ACCTAGAATA TTCGTATCCA 180
 50 ATGTGGCAAT ACCTGCAATT GATTTTAAAC CAGGTACATT TTCAACGCCT TTTTCTAAAT 240
 TAGCGCCAAA CGTATGTGGC CATTGTGTTA AAATGGCATT TATAAATGTA TTAAACATTA 300
 AGTAACCCAT CAATGCTGCA AGTGCTGCAT GACCTGGTGC TTTTITAGCT AAAGAAAGTG 360

55

TTACTGACCA AAATTTAAAC CAAAACGTAT GTTGATCTGC TAAACTCCCC ATGATTGTAG 480
 GATTTTAAAA TAATGTGCGA AAGCCAAGCA CTATCCCAAA GAAAGCGAAC ATTAATACCG 540
 5 GTACAATCAT TGCCTACCG AAACGCTTTA TCGCATTCAT CTTCTATTCC CTCCATATCA 600
 TCTTTCCTAA CAATACATCT AATTAGATTC ATTTATAAAT AGATGTCTTA CTATTTAAAT 660
 ATAATATATA GTAAACGCTT ACACACCTAC AACGACATTG ACGTATTTTG AAAGTATTTT 720
 10 GTATAATCAG ATTATCTTTT CATATAGTGA AAATTTTTC ACGACCTTAT ATATGACATC 780
 GTTGATTTTG TAATACATTC GTTTTAAACG CATAATCAAA CCTATATCAA TACACAAATA 840
 TATATAATGA CATAACAAGAT TTTAATGTAA TAACGATCTA TTACACATTT ATTTTCAAGG 900
 15 AGGTTGAATA TGTTTTTAGA TGAACACATT AATCGAAACT TTGATAAACT TAATGATAAT 960
 GATTACATA TCGCTCACTT TATCAATACA CATATAGATG AATGTAAAAA TATGAAAATA 1020
 20 CAAGATTTAG CGCAATTCAC ACATGCCTCG AATGCAACCA TTCACAGATT TACACGCAAA 1080
 TnAGGTTTTG ACGGTnATAG TGGATTTAAA TCGTACCTTA A 1121

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 631:

- 25 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 4005 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear
- 30

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 631:

35 AACCTTCCAT TTTACTTGAT CGATAACATC AGTTCCTGCTT TACAAATCTC TTCATTAATA 60
 TGCGTCTTAA AACCATGAAA TTTAACATGT TCCGATAAAT GATAATCTTC TACAAGTTGT 120
 CGATATTCTG ACAAACCATT TCCATGTCCA TAAATATTCA ATTGAATATT GGGATGTTTT 180
 40 GTTACTAATT GCTTGATTAC TTCAATTGTA TGTTTAATTT GTTTATTTTC AACGAGGCCA 240
 GCAATTGATA TGATATGATT TTTCTCCTTT TGATTGATGT CAAATTGATA CTTTAAATTT 300
 GCCACGTAGC CAACCGGAAT ATTGATAACT GGTATTTTAT TTTCAATATA TTGTGAAATA 360
 45 TCTTGGCATT GCTTTTCTGT TGATACAACA ATCGCTTTAT AACGTGTTAA ATTATTAAAC 420
 ACTGTTTTAT AAAAATTTTT TATACCATTA CCGGCACCGG ATAAATGTGT ACTATGGAGC 480
 ACAACAATAA CTGGAATACT TTGATTTAAT CCCGCTATAA CATTCCTAA TTCATGAGGA 540
 50 CGATCTAATA TGATTTGATC ATTATTTTTA CATAATGAT GGAGAAAATA TTGAACTAAT 600
 TCATCTTCTG TATCAAAAAA TTGTTGATGC TGGTCTTCAT TTAAGATAAC CTTTGTGAGC 660

55

	TAGTAATTTT CGAGTACAAT CCGTTGTCCT TCACCTAAAA TTCGAGAACA ACTTAAAAAG	780
	CCTCTTCCAT CATACAATTC GCGTTTTACT TTTCTTCTTT TATGATCAAA ATAATTCACA	840
5	TAATTTAATT GATGATACTG TTTATCTAAA AAATGAGCAT ACATTACAAA TTGCTCTTCA	900
	TCATATATTG TGACATCATT TGAATTTTCC ACAAATTTCA ATGTGTACCT ACATGACTTT	960
10	TCCCAATACT GTATCCAGTT AACTTGCTTT GTCTTTTAT AATTGATTGC TTTTGAAAA	1020
	TAGTCATACA TTGTAAATAC ATCATTTCAT ATCTGATGTT GCTTCGCATA TGTGTATGAA	1080
	TAAGGATTCC ATTTAACATA TACACATTTT GAAGATATGC CGTGTGTTT GAACAACTTC	1140
15	AATCTATTTA TTTGCGCTTT TTCTACACCT GTAATTTTAC TTTCTAAAAT TGTTCTTAAA	1200
	ATGTAATTCAT TATTATCGCC TCATATAAGT TTTATTCCGT ATCTTTATTG TTTATTTTAT	1260
	ATGAAAAATA CATCTATTGC ATGTGTAATT ATAAAAAAC CAGGCCACAA GGACCTGGGT	1320
20	CATATTGTAT TATTGTGTTT GTTTTTTGCG ACGACCGAAT AACATAATG AACCTAATGC	1380
	TGCAAATAAT CCACCAAATA ACGTTGCGTT ATTTGAGCCG TTATTTTCAC TACCTGTTTC	1440
	TGGTAATGCT TTTGCTTTAT TGTGATGGTC TTTAGTAGTA CTCATTGGTT TAACAGGTGT	1500
25	ATGTTTTCTT GCATCCGAGT CTGAATCGCT GTCTGAATCA CTGTCTGAGT CTGAGTCGCT	1560
	ATCAGAGTCT GAGTCGCTGT CCGAATCTGA GTCGCTATCT GAGTCTGAGT CGCTGTCTGA	1620
30	ATCTGAATCA CTGTCTGAGT CTGAGTCGCT ATCTGAGTCT GAATCGCTGT CTGAATCTGA	1680
	GTCGCTATCT GAGTCTGAAT CGCTGTCTGA ATCTGAGTCG CTATCTGAGT CCGAATCGCT	1740
	ATCTGAATCT GAGTCGCTGT CTGAGTCTGA GTCGCTATCT GAGTCTGAAT CGCTGTCTGA	1800
35	GTCCGAATCG CTATCTGAAT CTGAGTCGCT GTCTGAGTCT GAATCGCTAT CTGAATCTGA	1860
	GTCGCTATCT GAGTCTGAAT CGCTGTCCGA ATCTGAGTCG CTATCTGAAT CTGAGTCGCT	1920
	GTCTGAATCT GAATCACTGT CTGAGTCTGA GTCGCTGTCT GAGTCTGAGT CGCTGTCTGA	1980
40	GTCACATCT GAGTCTGAAT CGCTGTCTGA TGTATCTTCT TCGAAGTATC CGTTATCAAG	2040
	TGTGAAATCA TCATGATCCG TAATTGTTAC GTCAACTTCG CCACCATCTG CATCTTTATC	2100
	ATCTTCAGTT GTATTTGTAA CTGTTTGTGT TAAGCCAGCA GGCTTTTCAA AAATAACTTT	2160
45	GTATTTACCG CTATCTAAAT TATCAAAGCA GTATTTACCA TTTTCATCTG TTTTAGTTGT	2220
	TCCAATTACT TCGCCTTTTT CATTTAATAA AGTAACTTTA ACATCTTTGA TACCTTTTTT	2280
50	AGTTGAATCT TGTGTCCTG CTTTATTACT GTCGTACCAA ACATAATCAC CTAAACTATA	2340
	TTTTGGTGTT TTATAGAAAC CACTGTCTAA TGTCATGTTA TCTGCATCTT TAATGACACC	2400
	TGTTGTTGTT AAACCATTAG AATCTTTTTT AGTATCATTT CCAGAAGTTA CTGAAGTTGG	2460

55

	TTGATATTTA CCATTTTCAT CTGTTGTAAC TGTTTTTAAA ACTTTGTCGT TTTCATCTTT	2580
	TAACGTAAC GTTACACCTG AAATGCCCTT TTCATCTTTA TCTTGAACAC CGTTTTTATT	2640
5	TGTATCTTCC CACACATAGT CACCTAAGTT GTAAGTCGGT TTGTAGAAAC CAGAGTCAAT	2700
	AGTATCGTTA TCTTTATCTT TAATGACACC TGTTGTTGAT GTACCATTTG AATCTATAACC	2760
10	TTCATCAGTT CCTGAACCTA CTTGTGTTGG TGTGTAACCT GATGGTGT TT CGAATTCAAC	2820
	TTTATAAGTT CCATTTTCTA ATCCAGTAAA TTGATATTTA CCATCTTTAT CTGTTTTAGT	2880
	TGTTTGTAAC ACTTCACCGT TTTCATTTTT CAATGTAACT GTTACGCCCTG AAATACCTTT	2940
15	TTCAGTTGAA TCCTGCTTAC CATCTTTATT TGTATCTTCC CACACATAAT TACCTAAATT	3000
	ATATTTTGGT GTTTGTAGA ATCCACTATC TAATGTCATG TTATCAGCAC CATTAAATAAC	3060
	ACCTGTTGTT GTTAAACCAT TAGAGTCTTT TTCAATGTCG CTACCAGATG TTAGTGTAGT	3120
20	CGGTGTATAG CCTTCTGGTG TAGTAAATTC AACTTTATAA TTACCATTAT CTAAATCAGT	3180
	AAATTTATAT TTGCCATCAG CGTCTGTTGT AACTGTTTTT AaCagTTACC GTTTTCATCT	3240
	TTTAATGTTA CCGTTACGCC AGATATACCT TTTTCATCTT GGTCTTGGAT ACCATTTTAA	3300
25	TTTGTATCTT CCCAGACATA GTCACCTAAG TTGTATTTAG GTTTGTAAAT ACCTAAGTCT	3360
	GCAGATAAGT TATCTTTGCC ATTAAGTGTATA ATAACTGAAG ATAAGCCGTT TGAATCTAAT	3420
30	TCTTCGTTAT TACCTTGTTT TGAAGGGGTT ACTTCATAAC CTTTTGGTAA GTTTGAAAAT	3480
	TCTACACGGT AATCTCCATT AGGTAAGTTT GGAATCAAGT ATGACCCATC TTCTTTAGTA	3540
	ACTGCTTCTC CTACTTTTGT ATTTGTATTA TTATCAAATA CAGTTACAGT TACATTGCCA	3600
35	ACGCCTTTTT CTCTAATTC TTGAACACCG TTTTATTAG TATCTTCCCA TACGTAGTTA	3660
	CCAATTTTAT ATACTTCTTG ACCAGctCCG CCACTTTGGT TATTAGTAAA TCCTAAAGCA	3720
	TTGCCAGTAG AAACGGATTT ATTACCTGTT GAAGATAAAG TAGCCATTTG AACAAGTGTT	3780
40	GGGCTTTCGC TATTTGTATA TTGGAATTTT GTATTAACCA TTACAACATA AGCAGAATCT	3840
	GCATTTCCAA AATCAATAAC AGCGCTATTG TtGTCGCCAT ATGTAATTTT CTGCAAGTAT	3900
	TGATTTGTTA CATCTGTAAG CTCTTTAGTA TTCACATCGT ATCCTTTATT TAATGTATAA	3960
45	CCTTTAGGAA CTGATATAT TTTTATATCT GTTACATCTT TATTT	4005

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 632:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 50 (A) LENGTH: 1440 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

55

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 632:

	TATTAGGTTA CTCTAGTTTC CAAAGCGGGA ATTTTAATGT TATTAACAGC AAGGACAGCA	60
5	AAAGCAATAT CGGCGCATTG ATTGAAAATC CAGGAATATA TCCTTTTATG TCTGGATATG	120
	AAAAC TTGAA GTTATTGAAT GAATCAAAAA AACTCAAGA TATCGATAAA ATTGTCTCAC	180
10	AACTTCATAT GGATGAATAC ATTCATAAAA AAGCTAAAAC GTATTCTCTT GGTATGAAAC	240
	AAAAATTAGG AATTGCTATA GCATTTTTAA ATAAACCTCA ATTCATTATC TTAGATGAAC	300
	CAATGAATGG CTTAGATCCA AAAGCTGTGC GAGATGTACG TGAATTGATT GTCCAAAAAG	360
15	CGCAAGAAGG TGTTACTTTC TTAATTTCTGA GTCATATTTT AAGTGAATTA GTTAAAATCA	420
	CAAAC TCTAT CCTTATTATT AACAAAGGTA AAATTGTTAC AGAAACATCG GAAGAAGAAC	480
	TTAAACAATT TAAAGATAAT GATTTAGAAA ATGTATTACT AGAAATCATA GAAAGGGAGG	540
20	ACCAAGCATA AAATGGGAAC TTTAATTAAA CAAGAATGTT TCAAATTATT TAAAAAGAAA	600
	TCAACTTTTA TCGCACCTAT TGTCTTTATT CTACTAATGG TTGCTCAAGG TTATATTGCT	660
	ACAAAATACA ATGAAATTTT TACGCCACAG GAATCTTTCA CATCTGCTTA TAATGGTTTT	720
25	TCATGGTTTG CATTTTTATT AATTATTCAA GCAAGTACAA TCATTTCAAT GGAATTTTCA	780
	TACGGTACGA TTAAAAATTT ACTCTATCGT GAATATTCAA GAACAACTAT GATTGTTAGC	840
30	AAAATCATCA CATTATTTAT TATTTCTTTA ATTTATTTTG TTATTACAAT TATTGCTTCA	900
	ATTGTTATTG GGTCTTTATT CTTTAATGAT TTAAATATAT TTGAAAGTAG CGGTAATCAA	960
	TTATCTTTAT TGAATCAATT ATTATTAGTT AGTTTAGGCA CATTTGTTGG CGTTTGGTTA	1020
35	GTTTTAAGCT TAACGTTGCT ATTATCATCT GCAACAAATT CAACGGGAGT AGCCATTGCT	1080
	GTAGGTATTG TTTTTTATTT TGCAAGTTCT ATTTTAGCAG TTATTCAAAC GGCACTTTTA	1140
	GAAAAAATAG ACTGGCTAAA GTGGAATCCT ATTAATATGA TGAATATTAT GCTTCAAACA	1200
40	GTTGAAAAAG GCTTTAGTAA GTCGACAAAA TTAGAATTC ATGAATTGTT TATTGGTAAT	1260
	ATTGCTTATA TTTCTATTTT CTTAATACTT GTAGTATTTA TTTTCAAGAA GAAAAATATT	1320
	TAGTAACTTA AAGTATTAAA TGTCTAAATA CACACATATT CCATCGTAAT TCAAAATCAT	1380
45	TTTCAAATCC CTTACCCCAA ATAATGGTGC GGGGATTTTT TCATCCAAAT TTTGGAAATT	1440

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 633:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1323 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 633:

5 GCTGACATAA TTGCATCAAA TTTCACATCC CCATAAAAAT CGCTACCACA TAACCTACGA 60
 TAATACCTAC AAGAAGCTGGA ATTAAAGATA GGAATCCTTT AAAAAATCCT TGAACGACTA 120
 TTGTTACAAG CAAGGTTATC ATTGCAACAA TTAAGAAACT GATATTGTAA CCTTTCATAT 180
 10 CTCCAGGATT TTCATACATT GCCATATTGA CTGCAGTAGG CGCTAAGCTT AAACCAATTA 240
 CCATGATGAC TGGTCCAACA ACAACTGGTG GTAATAATTT CATTAAACCAT GCTGTCCCAC 300
 TTAATTTGAT TAGAATCCCG ATGATGACGT ACATAACACC ACTCATGaAT AATGCTACAA 360
 15 GCATGTCTCC TAAGCTATGC GTACTTAATC CCGTGATAAT TGGCGTGATA AATGCAAAGC 420
 TAGATCCCAA GTATGCTGGT ATTTGCGCCT TCGTTATTAA GATATAAAGT AATGTACCGA 480
 TTCCCGAAGC TAGTAACGCT GCTGATATTG GTAGTCCTGT TAAGAATGGT ACTAGTACTG 540
 20 TTGCGCCAAA CATCGCAAAT AAATGTTGTA AGCTTAAAAA TGCCCATTCG GCTGGTTGTG 600
 GTTTTTTCATT TACATCTAGT ACGGGTTTTA CTGTTCTGTTT AACATTTCA TCATTTTGCA 660
 TAATATTCAT TTCCTCCGAT AATAAAAAAA TCTCTTTACA TCAGTATATG TAAAGAGACA 720
 25 AAAAGTGTGA CAAGTTGCTA CAAGTCATTT TCGTCCATAG AAATTGACTT ATAGTTGTCTG 780
 AACATGAGGG TATTATTAGA TAAACAAGCA TATGAAAAC TATTTATCAT TCAACTCCCC 840
 CACCTTTTTTC AGTCTCTCGT ACTGAATTAA AAGGGGtATT ATTTAATTAT AACTGCATTT 900
 30 CTTTGATCCa TTtCTTCyAA ATAGACACTT ACCGTTTCCT CTTTAGAAGT AGGTawATTT 960
 TTACCAACAA AATCTGCTCG AATTGGTAAC TCACGATGTC CTCGATCAAC CAAAGCAGCT 1020
 35 AAACCAATTT TAATAGGTCT AGCATTTAGC AAAATAGCAT CAAGTGAAGC ACGAACCGTT 1080
 CGACCAGTAT ACAGCACATC GTCAATAATG ATGACTACTT TATCTGTAAT ATCTGTGTCTG 1140
 ATGTCTATTG CGTCTTTTGT CGTAAGTGAT GACATGTGct CTATATCATC TCTAAAGTAT 1200
 40 GTAATATCAA TTGTTCCAGT AGGTATACGT TGTGCTCAA TTTGATGAAT TTtATCTTGT 1260
 ATACGATTCTG CTAAATATTC ACCTCTTGTh TTGATACCTA AAAGATTAAA TTATCAGTAC 1320
 CTT 1323

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 634:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 761 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

ACCCATCTCA TCGTATTTTG AATTTAATAG ACGAGATCGA TGTATATCTG AATTCATCCC 60
 AACTATGGAT TAATGTTGGT ACATCATtAA cGCATAACCA ACATTTTGAG CAGTTGTTTT 120
 5 ATAAGTAACG TGATTTTAT CTAATTGCCC TCTTAATGCG TCCTCTGTAA ATTCAACACT 180
 ATCAGAACCA TTAGAGGTCG CTTCATATAA GTTATTAGAT GCAATATGTG CTAAATCGCT 240
 ATTGATTTTC AATGGTTTTA ATCCTTTTAA TTTTCTCATT TCATTGCTTA CTTCATAAAG 300
 10 AGAAATTAAT TGATTTGGAT TTTGCTCAAC TGGACGCTTA TTATGCTCTT CTGACGTAGA 360
 ATTAGAATTT AATTGATAAG GTTCAATATC TGCTAACATT TCTTTTGTTA AAAATCGTAC 420
 ACTTAGCACC TTTTTCGATT GTTGATCAGA ATACACTTGT GCATATATGT CGCCATATTT 480
 15 AATCaGTGTT TGTGTTTTTA AATCTTCATC TGAAAGTTCA AATTCATATT TTTTACCATC 540
 AACTTTAAAG GACGGTTCTG GATTAATACT TGTATGATTA AAAATTTCTG CAGAATGTTG 600
 20 TCCTATTTTT AACGGACTAA CATTGACTTT CTCACCTGTA GCATACACTG AAACGATTTT 660
 TTCACGTTTA GTTGAAACAA TGTAATAACT GTTTTTGTCT TTAAACACAT AATTTTTGTA 720
 rCCATCTCTA AAAGGGTAGA CrCGATCTGC TTGTCCAAAT T 761

25 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 635:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 827 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 30 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

35 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 635:

nTAAATATAT TTATATATTA TAGAATAGAA AGACCTGAAG ATTGAATATC TTTCGCAAAG 60
 CCTTTAACTG TATCTACTGA TAATTCGTTA ATATCGCGAC CTAAGTTTGT ATTCACTTTT 120
 40 TTCACAACAT CTGCTGGGCA TGTAATAATA TCTGCACCAA TTTCATCAGC TTGAATCACA 180
 TTGAATAATT CGCGGCAACT TGCCATAAT AATTTAACGC CGTCTTTACT ATGCGTAACT 240
 TTnACAGCCT CTktCATTA TGGTaatGGA TCTACGCCCTG TatCTGCAAT ACGTCCTGCA 300
 45 AATACTGAAA CATATGTTGG CACACCTTCA GTTACTGCTT CAGTTATTTT TTTAACTTGT 360
 TCAATTGTGT AAACAGCCGT AACGTTTAAT CTCACATTGT CAGCTGAAAG TTTTTTAATT 420
 AAAGGAATCG TTGATTCACC TTTTGTATTT ACAATAGGAA TTTTAACAAA TACATTTTCG 480
 50 CCATATTGTT TTAAAAATTGC TGCTTCTTTk TCCATAGTTT CTAAATCGTC TGCAAATACT 540
 TCAAATGArA TTGAAGCATC TGGAATTTCT TTCACAGCTT CTTCAGCAA AGCTTTGTAA 600

55

TTTTTATAAG CTGCTTTCAT TnCTTCAATA TCTGCACCGk CCGCAAATAC TTCTACATT 720
 AGTTTAGCCA TATAAyATAG CCTCCTTGAT TCTTATTAAA ATTTTAACAA CATCTGCATG 780
 5 KCTTTTCTT ACAACCATTT GTAAAAAATG ATTTTATTCTT CTTtGTT 827

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 636:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1478 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 636:

TTAGTCGGTA TAACCATCGG CTAGGTGGTT TTTGTATTAA AAAAGTGGAT ACCAAAATTT 60
 20 ATTAATAATT ATTTTAATGT TAGAAAAAAA CTAAATAAAA ACTCGCTAAT GATATCCAAT 120
 AATATGTATA CAAAACGAGA CATATATTGC ATATGATTAA CGAGATACTG AAAATATTTT 180
 ATCACCCTTA AAATGATTAT TCATTTTTCAG CGGTAATTCG ACCTAAAGTC AACTTACAA 240
 25 TAAAACCGAT GATAAATACT ACTAATGAAA CGAACCACAT CACGATATTA GTTGGTAAAC 300
 CTGGAATAC TGCAAAGAGG GAGCCAACAA CAAAACCAAT GATTAATGCA AAAGTCATTA 360
 GTTTATGATG TGTTAGGAAA TACTGGATAA TTTTGCTTGA AATAATGAAT CCAGCAAGCA 420
 30 CGCCAAATCC GACTGCAAGT AATATAGGAA GACCTGCAAA GTTAAGTTTA ACAACTTCAG 480
 ATATTGCTAG CATGACCGTA CCATAGACGC CAAATACTAA TAACATAAAT GACCCTGAAA 540
 35 TACCTGGGAG TAACATAGCA CTAGATGCAC ACATACCTGC AATAAAATAT TTAATAATAA 600
 GACTAGTTGA TAGAGTAAGT GTTCTCCAG CATGTTTATC ACCATTATTC ATTAATGTAA 660
 TAACAATTAA GATAGCGATA CCAGCTATAA CCATCATGTA ATGTYTAGTT GTAAATGACG 720
 40 TTTTATAGTT AGAAATTTTC AATAAATATG GAACGATACC AATGATTAAT CCACCAAAGA 780
 AAAACATAGT TGGAATATGG TGTGGCTTA ATAAATAATT AAAAAGATTA CTTAGTGATC 840
 CCATTGCCAG TAACATTCCA ATTATAATGG GGATTAAAAA TGTAAAACTT GGCCAAAAAC 900
 45 GTCGTGAGAA TATGCCGCTA ATTGAAGCGA TAAATTGATT GTAAATACCT AACAATAATG 960
 CGATAGTCCC ACCGCTAACA CCAGGTACCA AGTCACTCGT TCCCATAGCA AAACCTTTTA 1020
 GAATATTAAT CCATTTAAAT TGTGTCATGA ATAACTCCTT TCAAACGATT GGAATAAAAT 1080
 50 CATAAATAGC ATCATACCAT ATTACAAATG TCCTAGTGAA ATGATAACAT ATTTTAAATT 1140
 CATAAATCC ATTGAGAAAT TATGTGCACT TATTATCATT TATATTTTAA AAGAGAGCGG 1200

AGGTATAAGT AAGTTATAAT TAACTGAACG CATTATTACA AAGTCTTTTT GACTACAAAT 1320
TAAAATTATT ATAAACTAGT TAAGAAAAC TATATTTTA CGGAGGGAAT ATAAATGGC 1380
5 ATCAACATTA GAAATyAAAG ACCTACATGT GTCTATTGAG GATAAAGAAA TCTTAAAAGG 1440
TGTTAAGTTG ACAATTAACA CTGATGAAAT ACATGCGA 1478

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 637:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 1995 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
15 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 637:

20 ATTACAGCAT CTTCTCTAGG TAGATTATTA AAAGATAGAG GTCTAAATGT AACAATTCAA 60
AAATTCGATC CATACTTAAA TGTGACCCA GGTACAATGA GTCCTTATCA ACATGGTGAA 120
GTATTCGTAA nGGATGATGG TGCAGAACT GACCTAGACT TAGGACATTA CGAAAGATTT 180
25 ATTGATATTA ATTTAAACAA GTTTTCAAAT GTGACAGCCG GTAAAGTGTA TTCACACGTA 240
TTGAAAAAAG AACGTCGTGG TGATTACTTA GGCGBAACAG TTCAAGTTAT TCCGCATATT 300
ACAAATGAAA TTAAAGAACG TTTATTACTT GCAGGGGAAA GTACGAATGC AGACGTTGTT 360
30 ATCACTGAAA TTGGCGGTAC AACAGGTGAT ATTGAGTCAT TACCGTTTAT TGAAGCGATT 420
CGTCAAATTC GTAGCGATTT AGGTAGAGAA AATGTTATGT ATGTTCACTG TACATTACTG 480
CCTTATATTA AAGCTGCTGG AGAAATGAAA ACCAAGCCAA CACAACATAG TGTTAAAGAA 540
35 TTACGAGGCT TAGGTATTCA ACCAGACTTA ATCGTTGTAA GAACTGAATA TGAAATGACA 600
CAAGATTTAA AAGATAAAAT TGCATTATTC TGTGACATTA ATAAAGAAAG TGTATTGAA 660
40 TGTCGTGATG CAGACTCTTT ATACGAAATT CCATTACAAT TAAGCCAACA AAATATGGAT 720
GATATCGTTA TTAAACGTTT ACAATTAAAC GCGAAATATG AAACACAGCT TGATGAATGG 780
AAACAGTTGT TAGATATCGT TAATAATTTA GATGGTAAAA TTACAATTGG TTTAGTAGGT 840
45 AAATATGTTA GCTTACAAGA TGCATATTTA TCAGTTGTTG AATCATTGAA ACATGCTGGA 900
TATCCTTTTG CCAAAGATAT TGACATTAGA TGGATTGATT CAAGTGAAGT AACAGATGAA 960
AATGCAGCCG AATACCTTGC AGATGTCGAC GGTATTTTAG TACCAGGTGG ATTTGGTTTC 1020
50 CGTGCAAGTG AAGGTAAAAT TAGTGCAATT AAGTATGCTA GAGAAAACAA TGTACCATTTC 1080
TTTGGTATTT GTTTAGGAAT GCAACTTGCA ACAGTTGAAT TTTCAAGAAA CGTATTAGGC 1140

TTACCAGAAC AAAAAGATAT CGAAGATTTA GGTGGTACAT TACGCTTAGG CTTATATTCA 1260
 TGTTC AATTA AAGAAGGCAC ATTGGCACAA GATGTTTATG GTAAAGCGGA AATTGAAGAA 1320
 5 AGACATCGTC ATCGTTATGA ATTTAATAAT GACTATAGAG AACAAATTAGA AGCAAATGGT 1380
 ATGGTGATTT CTGGTACAAG tCCAGATGGA CGTTTAGTAG AAATGGTAGA GATTCCGACA 1440
 AATGtTTCTT TATTGCTTGT CAATTCCACC CAGAATTCTT ATCTAGACCA AATCGTCCGC 1500
 10 ACCCGATTTT TAAATCATTT ATTGAAGCTT CATTAAAATA TCAACAAAAT AAATAAATTT 1560
 GCTAATAAAAA CCGGTACTTT CATTGTAA AATTGAAAGT ACCGGTTnT CGTATAATTT 1620
 15 TAATATTATG TTAGTGACAA GGTATGAAAT AACAAAGTG ACTTTTATAA TTCTAAGTCT 1680
 CTTGTCAATTT CAATCATTTG TGTATAAATG TCATAGTATA CATAATTC A TGCCATCGCA 1740
 TGTGGTyGGA CAATCTTATC GTAATCTTCA GTGTAGACTA TAGGTtTTGG TGTAGATAAA 1800
 20 TCGATAAAAT GTACGAGATG ATCAGGGAAA TCATCTGTTT TAGGTTTGTT GCTTATTAAG 1860
 ACCACATCGA TATCTAAGTC GATAAGTTTT TGAATATCTA ATGCAACTTG ATyATTATAA 1920
 AATGGTGCGA ATAATAATAC ACGATCAGTT GAGTCAATTT CTTTAAwkTC TTTAATAGCG 1980
 25 TaAGTTTnCG GCTAG 1995

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 638:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 30 (A) LENGTH: 1107 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

35 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 638:

ATTAGTGATG AAAGTCAGAT TGAAGCTTTA TTAACAGCTG AAAAATATTTC AGAAATGATT 60
 40 GGTGAATAAT CACCGTGTA CTCCTTAATC TAAGATTGAG GAGTTTATTT TTAGTCTGAG 120
 AAAATAAATG ATATGAAAGA AAAATTATTA GGTACTATTA TTTGGAGTAT TGCTACATTT 180
 45 TATTATTCAA GAATGATGGA AATAATGAAT TTAGCTATTT TAAAAATAAA AATTGGGGGA 240
 AGTTAATATG CTAAACATTC AAGACGTTAn CATnCTTTCT AAAAAGGAGC AAAAAGCATA 300
 TAACCGTTTC GTAGAATCTG TAGAAAACGG TAATTTACCA GTACTACCAT GTATTGAAAT 360
 50 GGATCTAAAA GAGATGCAAG AAGAAACATT AAACCAGAGT AAGATTGGTG GAATGCCATT 420
 TTTAAAATCT TTAAAGATA TACCATTAGA TGAAAATAAT GTACCAATGG TATTGCTAGC 480
 ACAGATTAAT TTGGATGATC TTCCAGAACA ACAAGAATTA TTCCTGTAA AAGAAGGGAT 540
 55

AAACAATATA AACTCAAGGC TTGTTTATAT AAAAGAGCCA ATTACAGATT TATCACTCGA 660
 AAATATTCAA GCGCATTTGA AGTCATTAGA TGCTGATAAT GAGGATATCC CGTTCAGTGG 720
 5 AGCATTTTCT ATAGAAATTA GATTGTCGAA ACAAATATT ACATGTACTG ATTATAAGTA 780
 CGATGAGGAC GTGCTTGCAT TGTGGAATAA AGTCAATCCA TCCTTCGCGC TAAAATCAAT 840
 GTTTGGTGGT TATGATGAAT TGATGGAACC TGTGTGTAmC AywTTTACTG CTAAGgAACC 900
 10 ATTTAATCAA CTTGGTGGTT ATCCATATTT TGACCAAATA GATCCAAGAA CGAACGATcA 960
 AGAACTGAAA ATGTATGATA GAGTCTTACT GCAAATTGat TCTACAAGAG ATGGTAATTC 1020
 15 TTCGATTATa TGGGGTGaTT TAGGTATTGc CAATATCtTA GTGaAATCTA CTGrACCTTG 1080
 aGGcTAtGaa GTTTTGAATG ATTACCT 1107

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 639:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 904 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 639:

ATTCATATTA TTATAAATTA TTTCTACACC ATCCCAATTG AGTTGTTTTT CATAATTTAA 60
 30 ATGTAATTCC ACTAACTCCC TACCAATTTT AACAAATCCA TATACATCCT TTAATATCGG 120
 TATTCGCGGA AAACCTTTAC TCAAATCACT TGAATATTTG TTCACATAAT ATTTATGATG 180
 35 CAAAATTGCA TATATATAAT ATACTATCTC TTCTGAATTA AGATTTATTT TCTTTTAAA 240
 AGAATTAGgA AATATTATCT ACaRGcCTCA AACTATCTTT ACCTTTGtAT GTAGCAAAGC 300
 CTTkGCCATT ACCAATAAAt TGGAAATTAG GTAATATGTC CGTGATCATA GCCGAGAATT 360
 40 CTTTATTCAT TCCCTGTCCT TGTATATAAA TCACCTGTCC AGTATTCTCC ATTATATTAT 420
 AATATCTACT TGGCATTTC ATAATATTTT TGTCGTACAC TATCCATTTT TTTGTAAATG 480
 GTCTATGCAT AAATTTAACA ATTCTCTCTG GATTAATTGA AATATTTTTT CCTTTAGAAA 540
 45 ATTTTTGGGT AAGTCCTCGT GTCCAACtaA TaAATGTTTC ATCTTTGTTT ACTAAATTTA 600
 TACGTTCTCT TGAATCTAAG ATATCAATTA ATCTATCTAT TTCAGAATTA TAGTTATCTA 660
 50 CAAGTAATTT TGcATTTACT AATGCTTTTT CATTCGAAAA ATTTGTTACC CAATTATCTC 720
 TTGCTGaATT TACTCCATTA AATkGAkCTA AATATATAGA ATTTCAATA TCCTTGAAT 780
 CATACATTGG TAAATAATTC CCCATAGTTT ATGTCTCGGT GATTAATCCA ATCATGGGG 840

AAAG

904

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 640:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 436 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 640:

15	CGATGTCTTT ACTATTAGAC TTAGCCATTG GTTTCACCTC TCCAAAAATT GTAAATGTGT	60
	ATCATCAATA TGAAAGTTAC ATAAACTGA CATATTTCTT TAAATATCA ACGCCATTGA	120
	TAACTTCCTG TTTTAATTGA TACGCTGTAA CAAAATACTA TAGTTAGTGC TTACATGTAT	180
20	ATGTTAAAGC AAGCAGTGGT AAATGTAAAT TATAATTATT CATTAACTTT GCAATATATT	240
	AAATCTTTTA TTCATAGAAG ATAAATATCA AATCAATCAT AATTATTTGA CAACAAATAG	300
	CTAACGATTG TTTTAATCTA CATTGGCTT ATAGCATTTT AAACCTATAC TCTATTTTGA	360
25	TACAATATAA GTGTAAATC AATCATAAAA AGGATATTCA ATATCTGCAT CCAAGAAAAA	420
	CATTACAATT ACCTTT	436

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 641:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 442 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 641:

40	GTTATTAAAT TCAGAGTGGT AGCAAATTAA AGTTAATCAA GAGTTAAGAT GAATTTAATT	60
	CATGAACACG TCTATTATTT TTATAATTGT AGCAAATAAA GCTTTACATC AAGGAGGTAA	120
	TTAAATATGT TCAAAAAATA TGA CTCAAAA AATTCAATCG TATTAAAATC TATTCTATCG	180
45	CTAGGTATCA TCTATGGGGG AACATTTGGA ATATATCCAA AAGCAGACGC GTCAACACAA	240
	AATTCCTCAA GTGTACAAGA TAAACAATTA CAAAAGTTG AAGAAGTACC AAATAATTCA	300
50	GAAAAAGCTT TGGTTAAAAA ACTTTACGAT AGATACAGCA AGGATACAAT AAATGGAAAA	360
	TCTAATAAAT CTAGGAATTG GGTATTATCA GAGAGACCTT TAAATGAAAA CCAAGTTCGT	420
	ATACATTTAG AAGGAACATA CA	442

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2472 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 642:

10	CCAATTTTGG TATGAATTAT ACAGATAATT CnGCGCCCGG AGGATCATTT GCTTATTTAA	60
	ATCAATTCGG TGTGGATAAA TGGATGAATG AAGGGTATAT GGCATAAGGA GAACATTTTA	120
15	ACTACTGCCA ATAACGGAAG ATATATTTAT CAAGCTGGAA CTTCATTAGC CACACCTAAA	180
	GTTTCGGGAG CACTAGCTTT AATCATTGAT AAATATCATC TTGAAAAACA TCCAGATAAA	240
	GCGATTGAAT TGTTATATCA GCATGGGACA TCTAAGAATA ATAAACCATT TAGTAGATAT	300
20	GGGCATGGTG AGCTTGATGT GTATAAAGCA TTAAATGTAG CAAATCAAAA AGCAAGTTAA	360
	TAAATCAAAG GAGTTTTTGA TTATGGCAAA ATTAGTTACT GAAAACATTT CGAAGCGGTT	420
	TAAAAATCAA GATGTATTAA AGCATATTAA TATCACTTTA GAAAATAACG AAGTTTATGG	480
25	ATTACTTGGT ATTAATGGAG CCGGTAAAAC GACACTTATG AAAATTATAT GTGGCATACT	540
	TCAACAAGAT TCAGGGGAAA TTAAATTAGA TAATAGACCA ATGACACGAA ATGATTTGCA	600
	CAAAGTTGGT TCGCTTATTG AAACACCTGC GACATATAAT CATTTAAGTG CACAAGATAA	660
30	TTTGAAATTT GTGTGTTTAA ATGAAAGCGT TGATTTCaGC GAAATTAATA GTGTTTAAAG	720
	CTTAGTCAAT TTAAATGTCG ATAAAAAGAA AAAGGTTAAG GACTTTTCTT TAGGTATGAA	780
35	ACAAAGACTT GGAATTGCAA TGGCaTTAAT TAAAAaGCCA GAAATTTTAG TATTAGACGA	840
	ACCATCTAAT GGTTTAGACC CATATGGAAT CCAAGAAGTT AGAGAACTTC TAAAATTATT	900
	AACAGAACAA GGTACTAGTA TTATTATTTT AAGTCACATT TTATCTGAAA TCCAAGTTTT	960
40	AGCAGATCAT ATCGGTATTA TTCATGAGGG TGAGCTAAAA TATCAGCAAA GAAATAACAA	1020
	AGATGAAAAC TTAGAAGAGA TATTCTTCAA AATAACGAAA GGTGATTACA AATGATACAT	1080
	TTAAAGATaG AAGGTATCAA ATTTAAAAaT TCTTTCAGTA TGTATGTTTT ATTAATAAGT	1140
45	CcGcTGGTAT TTCTTTGTTT TGCTATTTTC ACAGTCTTAT TCGCCAAAAG TAATACGGGA	1200
	ACAGCGAATA GTGTGTCACC ATATATAACT TTAATTTTA ATATTGGCC AATTGCTTTC	1260
50	ATCCCGATTG TATTATGTAT GGCTTGTAAT TCGTTATTTA AAATTGAAAT GAGAAATAAA	1320
	TCATTTAATT ATTACTTAAG TAATAATTGG TCGATTACAA AAGAAATAAG AGCAAAGATT	1380
55	TTCATTTTAT CAATAGCATT TTTGGTACAT TGCTTTTtag TATTTATTAT TGCTTATATA	1440

TTGATGTATG TAGTATCTCT ACCATTGATA CCGCTCAACT TTTTATTAAC TCGATACTTT 1560
 GGTGTGTTTCG TATCAATATT AATAAACTTA GTATTATCAG TCATTTGTGT CTTGTTTTTA 1620
 5 ACATTGAAGA GTTTATTTTG GGTGTTGCCG TGGGGGATAA TGCAGAGAAT CCCGCTTATT 1680
 ACGCTTGGA TACTACCTAA TGGtTTAGTT GTAAACCATA ATTCAAATA CTTTAATGAT 1740
 10 CTCAATGCCT TATATATTTT GATTATTGTT AGCATCATT TTTTCGCGAT AGTAACATTT 1800
 TTAAATAATA AGAAAAGTTG GCGATTAAAA TGATAATTAA CGAATTAAAG TCATGTAAGT 1860
 TGAAATTTTC TAAGCAAGCG CTCACATTG TACCCATTAT TGTAACCATA TTGTTTATAT 1920
 15 TATTTATAAA TTGGTATTTA AACGTAAATT TATGGAATGG TCGACAAATm AGTTTGTTTA 1980
 CAGCGAGTTT TAATGCAATT ACATCGCTAT TAATTTCTAT AAACGTCTAT CAAGTTATCA 2040
 ATTTTGAAGA AAATATTGGT CACTTTAATC ATATTTTAGG AAAAGCTAAT AGGCTAAATT 2100
 20 GGTTAAATGC ATCAATGATT TTTACTTATA CTATTACAGC CATATGTATT CTATTAGCAT 2160
 CAATTAATTT ATTGTGGCAT TCACATGATA TGAAAATAAC ACTTATGTTT ATAGGcGTaT 2220
 CATTGTTTTT CAATGTaATT ATATTACTGC TACTTTTTAT TTTTAGTATT TTCATTAAAG 2280
 25 ATGTAATGGC TATTGTTGTC GGAGTTTTAA TGTTTTATTT TAACGTTTAT TTTGGATTAG 2340
 AAGTGCTTGG AGATCATTCG TGGTCTATT TACCAATCAC ATATGCTACA CGTTACGTTT 2400
 30 ATATGTTTAn CGAAGGGGAG TATACCAGTT ACATTAACAT TGGGCAATCT ATATnATTAT 2460
 CACGnTGCCG AT 2472

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 643:

- 35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 646 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

40

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 643:

45 ATAATATAGG AATTATTTTCG ATnACAGATT TTACGAATCG TGCTACGATG CAAAATGAAn 60
 ATAAAGATCC ATATGGCGAA AAGTTAGCTT ATGGAATTGC TTTTAATGGC AGTGTGGATA 120
 TGCAAGGGGA TAAACAAGTC ACAATTCCAA AATATAGTGT AGTTACAATT ACTGGCGAAA 180
 50 ATAGTAAAAA TTATCGTGTT ACCGCCGATA ATAAGACTTA CTATGTTAGT AAAGATAAAT 240
 TAGAATATTT TAACCCGGCA GGTTTATATC AAACGCATAG TTTTAAAAA TTAGCACCAT 300
 ATATGAAATC AAATTATAGT AATTACTATG CATACTTTAA TAGTCAATTA CATAAAAAGC 360

55

CACAACAACC GATACAATTA CTTTTCATG ATAATAATCA GTTATACGGT TTTGTTTATC 480
 CAATTGTAGA TAAAAAAGAA TTAAAAGATA AGTTTAATAT TAACAATAAC ATTTGGATTA 540
 5 CTAAAGTTGG GAATGGATAT TGTATTGCCA ATTTGAAAGA AGACAAATGG ATTTATATTG 600
 AATTGTAGGT GTAAAGATGC TAGATAATAT TATTTTATAT TTTAAA 646

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 644:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 426 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 15 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 644:

20 TAATATCGGA ATTTGATAAT GAAGATATCT AATTTTTTAA TATTCGTAGC TTTTATTTTT 60
 CTACTTATTT TATGTTTATT TTTAATCTTA CAAATGACAA ACCATTAAAA GTAGCATCCC 120
 AACATCAAAC AAAAAAACAA TTCATCAAAT AAAAATCGCT ACAAACCAA GTCATTAAAC 180
 25 ACGCAATAAT TAAATTTTC CACTCATTAT AATTCTGAAT TCCAAATGTC GAATTCCGAA 240
 AACCAAATC CAAATTCCAA AAACGCAACT CCAAATTAA AAGCATTTCC CTACCATTCC 300
 GGAAATGCTT TTTACATACT GgATTACTCT GTCATTAAATG ATTTTACAAC GGgAAACCAT 360
 30 GTCGtCATGT ATGACCaaAG TAGCGTCGCT AtCaTaAgGt GGTTCCGATC TTTATTGGAT 420
 AATnAT 426

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 645:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 3241 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 40 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 645:

45 nTTATTTACC CACAACATGT TGCGACATTA GGTAATGGG TACCTTATTT ACTTGGTATT 60
 GTTATGTTAG GTATGGGATT AACAATTACA CCTAATGATT TCAAAATGGT CTTTAAAGCA 120
 CCTAGAGCAG TAATTATTGG TGTCTGTCTA CAATTCAGTA TTATGCCAC ATTAGCATTT 180
 50 ATAATTGCAA AGTCTTTTCA TTTACCACCT GATATTGCTG TTGGCGTAAT ATTAGTTGGA 240
 TGTGTCCGG GTGGGACATC AAGTAATGTA ATGAGTTATT TAGCCAAAGC TAACGTAGCA 300

ATATATCTAT TTGCAATGA ATGGTTGGAA GTATCTTTCG TGAGTATGTT GTGGTCAGTT 420
 GTTCAAGTTG TATTAATTCC AATTGCTTTA GGTATTGTTT TGCAAATTAT TAATCGTAAA 480
 5 ATTGCTGAAA AAGCTTCTAC AGCTTTGCCA ATTATATCAG TTGTTGCTAT TTCATTAATT 540
 TTAGCAATAG TTGTAGGTGG CAGTAAGCAC CAAATCTTAA CTACAGGATT ATTAATATTT 600
 TTAGTAGTTA TTTTACATAA CGTATTAGGG TATACGATTG GATATTGGTT AGCTCGTCTT 660
 10 TTAAAATTAG ATCGACAAGA TCAAAAAGCA GTCAGTATTG AAGTTGGAAT GCAGAACTCT 720
 GGTTTAGCTG TGTCATTAGC aGCATTGCAT TTTAATCCAA TTGCAGCAGT ACCAGGCGCA 780
 15 GTGTTTAGTT TCATTACATAA TATAACAGGG CCTATTTTAG CAAAGTATTG GTCAAAAAAG 840
 TTATAATTGC ACTAATAGAA TGAAGTGGTC ATCGGACTAT GTTAAGCTTT GATAAAGAGA 900
 AAAAATAGAG GAGTAAATAT ATGTATAGAG CAGTTATATT TGATTTTCGAT GGAACAATAA 960
 20 TAGATACGGA ACAACATTTA TTTAATGTTA TTAATAAACA TTTAGAGATG CATAATGCCG 1020
 ATCCTATAAG CATTGATTTT TATCGTTCTT CTATTGGAGG AGCAGCTACA GATTTGCATG 1080
 ACCATTTAAT TAAAGCGATT GGTCGGAAA ATAAAGATAA ACTTTATGAA GAACATCATC 1140
 25 TTACTAGTAC AACATTACCG ATGATTGATA CGATTAAATC ATTGATGGCA TTTTTAAAGC 1200
 AACGTCACAT TCCTATGGCA ATTGCCACAA GTAGTGTGAA AGCGGAAATA ATGCCCACCT 1260
 TTAAAGCATT AGGTCTAGAC GATTATATAG AGGTAGTTGT TGGTAGAGAm GATGTTGAAC 1320
 30 AAGTTAAACC TGACCCTGAA TTATATTTAT CTGCAGTACA ACAATTAAAT TATATGCCGA 1380
 CACAATGTTT GGCTATTGAA GATTCTGTAA ATGGTGCAAC AGCCGCGATT GCAGCTGGAT 1440
 TAGATGTTAT TGTTAATACG AATAAAATGA CAAGCGCACA GGACTTTTCT AATGTAGATT 1500
 35 ATGTAGCAAA AGATATTGAT TACCATCAAA TTGTAGCGCG TTTCTTTACG AAATAGGAGG 1560
 CGTATCATGA TGGGTTACAT TATATTGTTT TTTCTAGCTG GTCCAGTAAT TTTAGGCGTT 1620
 40 GGAAATTTGG TGATTGGTCC TATATTTAAC AAACAGACAC CATTTGCGGT GCAAGTAAGA 1680
 TCTTTTGTG kTGgkTcmAT GfTTTACTTA ATACTCGCAA CAATTGGCTA TTTTACTA 1740
 TTACAAGGTA AACTTTAACG AGAAAACCAC CTTACCTCAT TAAATGGACG ACCATATGTA 1800
 45 TGTGAAATGG TAGAACGTTT ATGTTTATGT ATGAGATAGG GTGGTTTAAA TAGTTACATA 1860
 TATTTTAATA ATAACGTCAC GATGATAAGT ACAATTAAGA TAATATCTAT GCCTACCATA 1920
 ATTGTAGCTC TTGTTGCAIT ACTTCCTTGT TCTTTTGCTG ATTTCATAGC ACGGTAGTTT 1980
 50 GGCACAAAGC TAATAATTAG TAAGATTAAT ACAATTACAC CAATTAATGC TGTTGTCATG 2040
 ATGAACGACC TCCTTTATTT TTTCAATCA ATTCCCAAAT AAACGTAGCA ATCACACCGA 2100

55

	CAATAATTAA TGCAATCGGT AAAGTCGTAC CGAGTTTAAT CTTGCGCTCT GGAGAATTAA	2220
	TAATAGTAAA TACTGTAAGA CAAATGAGTA TGAAAGCAAG TGTTGCAATA ATAGTTCTTC	2280
5	CAACTAAATA TAGGATGTCA GGTTTTTCCA TACCGATATA ATTTATGATG AAAAATGCTA	2340
	CAGCAAAGAG TACCGATATT TTTGTAGCAC GTAGCAGTAT TTGTTTTAAC ATTGATATAC	2400
	TCCTTTTTTAA TATTATTAAA ATTATATCAT AATTACCAAG AATAGCTGAA GTTGATGTG	2460
10	ACTCAACGGT ACTTGAGCAA CTTTTTTAAT TTTTGTAGAAA AATCACAAAA TAATTGTTTG	2520
	CAAAGTTGCA AAAGCCTGCT ATAGTAGTTC TGTAACGAT TGCATGGTAT GCAAATATTA	2580
	ATGTACCAAA ATCGATAATT TATAGTATAA TTACGGCAAT AAGTTTTTTT ATGGATTAT	2640
15	TTAGTATCAA TCAGAGATGG GGTAAGAAGT TATGGAGAAC AATGAACCTAC AAAGGGGATT	2700
	GAGTGCCCGT CAAATTCAAA TGATTGCACT TGGTGGTACG ATTGGCGTGG GGCTTTTCAT	2760
20	GGGTGCGACA AGTACAATTA AATGGACAGG CCCATCAGTT ATCCTTGCAT ATTTAATTGC	2820
	GGGTATCTTT TTATTTTTTAA TCATGAGAGC AATGGGGGAA ATGATTTATT TAAACCCTAC	2880
	AACAGGATCA TTTGCAACAT TTGCAAGTGA TTATATACAT CCTGCAGCAG GTTATATGAC	2940
25	AGCATGGAGT AATATATTCC AATGGATTGT AGTTGGTATG AGTGAGGTCA TCGCAGTAGG	3000
	AGAATATATG AAGTTTTGGT TCCCGGAATT GCCAAGTTGG ATTCCTGGTG TTATTGCTAT	3060
	TTTATTATTA ATGGCAGCGA ATTTATTCTC GGTAAAAGCG TTTGGAGAAT TTGAATTTTG	3120
30	GTTTGCTTTA ATTAAAGTTG TAACAATTAT TTTAATGATT ATTGCTGGTT TTGGTCTTAT	3180
	ATTCTTTGGT TTTGGAAATG GTGGCCATGC GGTAGGTATT TCTAATCTAT GGACAAATGG	3240
	C	3241

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 646:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1311 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 646:

	AGGCGTCAAC TCAGATGGTT TAATAATTGC CGTATTACCT GCTGCAATAG CACCGATTAA	60
	AGGTcCGAaC ACTAGTtGAA AAGGATAGTT AAATGGTGCA ATGATCAAAA CTGTTCCATA	120
50	AGGTTCTTTT TTGATATAGC TTTTGTGG AAATAAATAT AAAGGTGTGT CTACATTkTT	180
	TGTTTTAGTC CAGTTTTTAA GTTCcTTACG GGCAATTTTG ATACTTyTCA AAGTTATGCC	240

	AATATCGCTC TCGTATGATT TAATAGCTTT GCTTAACTTC TTTAATTGCT CTTTTCTAAA	360
	ACTAATATCT TTAGTTTGTT GTGTATTGAA AAAAGCTTTA CTGTCATAAA ATTTTGTCTC	420
5	AATGATATTC ATAATGAAAA GAACCTCCTT ATATGATTAT TTTGGAAAAA GCGATTAAAT	480
	GATTTGAATG TTGTGGCCGT TAATTTTAAA TGGTCTTTTCG AATTATATAT GTTGAAAGTT	540
	GAAAATAGAG CGATGAATCG TGTACATAAT AATATTTATA ACTTTAATCA TAACGAAAAA	600
10	GGTAGGAAGA AAACAAAAAT TTATACTCAA CATCGCAAAT ATTTTAAGAA AATGTAAAGA	660
	CAAAAGGGGA ATTGTATAGA AATCACTAAT CTGTGGGTTA GGGTAGCTAA AGGAATAAAA	720
	ACTACTATTG AAAAAGGGTT GTAAATTAGT CAAACGTAAA TAAAAACAG TTCATTGAAA	780
15	GTGAAATAAA TTCTACTTTA ATGAACTGTT AGTTAAATAC AACATGTCTA TAATTAGACA	840
	GTAATATAGT ATTATTTTGT TAATGCTTCA GTGATTTGAG GTACGATTG TTTTTTTCGA	900
20	GAAACGACAC CAGATAAGAA GGCCATGTCA TCTTCTAATT GAACATTGAA TGtTCGCCAA	960
	CTTTATCTTT TTCAGCACCT ACAACTAAAA TTTTAGAATC ACTATTAATG ATGTCAGTAA	1020
	CAACAAGTAC AAATAAGTCA TATTTTCTT GTGCACCTAC AGCTAACATT TCTTTTCTA	1080
25	TATCTTCTTT ACGATTAAAC ACTTCGTCAA GGTCAACAGC ATTAAGTTGT GCAATACGAG	1140
	TCACATAGTC ACCCATAGTA AATGATTTAG CATCCATGTT TAATAAGAAT TCAACTGATT	1200
	TATCAGTTGT TGAAGCACCT GCTTTtAACA TATCTAAGCC GTACTTTTGA ATATCAACTT	1260
30	TAGCAATATC TTTtAATTCT tCAGCTGCTT TAACATCTTG TTGTGTACAT G	1311

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 647:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

35	(A) LENGTH: 1498 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
	(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 647:

	CATATACTTT TTCATTCTT TACGAGATAC TTTACCAGAG GATTTAGACT TCATACGCTG	60
45	ATCCATATGT GCTTGCGTTT CAGaATGTCC ACAAACACAA CGATATACCG CTTCTTTCCC	120
	TTTACCAAAC AACGTAAATT TCTTTTACA GTTTGGACAT CTTGCATTG TTTTGCCTG	180
	TACATTCTTT TTCGTCTTAC AAGATGGATC TTGGCACACA AGCATCTGAC CATTTTtagT	240
50	TTTAACTTTA ATCATGAATT TACCACACGT TGGGCATTCT GTGGTTGTTA AATTATCGTG	300
	TTTATATTTA CGATCACTAT TTTAATCCC ATTTACAACA TCTTTCGTAA AATCTTTCAT	360

CCATTGTGcA GTTAAAAGTG GCGACGTAA TTCTTCTGGT GCTAATTCTA ATATTGTGTTT 480
 ACCTTTTGAC GTTACTTTAA TTTTACCGTC TCTTGATTCA ATGGCATTCA TATTAAATAA 540
 5 TTTATCGATA ATGTCGGCCC TTGTTGCAAC TGTGCCGATA CCACCTGTTT GTTTTAAAGT 600
 TTGCGCATAT TTTTATCCT TCAATTGAAT AAAGTTCTGA GGGTTCTCCA TCGCTTTTAA 660
 TAACGAACCT TCATTAAAAT ATTCTGGAGG TGTGTTTCA TGTCTCTAA TATTTGTTTT 720
 10 TGAAATCTTC ACTTCATCGC CTTCTGAAAA AGGCTGTTGC ATCTCTGTAA TAGATTCCACC 780
 TTGTCTAATA GATTTAAAC CTAAAACAGT TGTACATTC TCTTCAAAA CAAATGTGTG 840
 15 CCCTGCAACC TCTAAAGTTA CAGTTATCGC GTCATACTCG TCGGAGGCA TTAAAGCTTC 900
 TAAAAACGC TCGACAATCA TATCGTATAA CTTTAATTCT CTATTACTTA AGTCTGACAT 960
 GACAGGTCTC ACTTCTGTAG GAATAATTGC ATGGTGATCA GATACTTTTT GATTATTAAA 1020
 20 TATCGACATT TTTGATGAAA ATGTTTTAGA CATTAATGGG CGTGCTGGT CTTTATATGT 1080
 TGTGCCATC GTCACCTGAA TACGTTCTTT CATAGTATCT ACCATATCAG TTGTTAAATA 1140
 GTTTGAATCT GTTCTTGGAT AGGTTACGAC TTTATGTCTC TCATATAAGC TTTGAAGTGT 1200
 25 ATTCAATGTT TCTTTAGGTC CAATTTTATA ACGTCTATAC ATATCTTGTT GTAAATCTGT 1260
 TAAATTGTAC AGTGATTGCG GATACGACTT CTTATGTTTA GTAGCAACAG ATTTAATCTT 1320
 30 ACCATCGACA TTTTCAAAT TATTAACCAT CTGTTCTAAA GTTCTTTAw TGGtATATCG 1380
 CTGATTTGaw TCTAGCTGAA AATCAAACCC TTTTACCGTT AATGATAATG TAAAGTATTG 1440
 TTGTGGnTTG AACTGATTAA TCTCTTGTTG GTCGTGTAAT TACTTAAATT GAAACGGn 1498

35 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 648:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1044 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 40 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

45 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 648:

TAAACAATT CGTTTTATTA ATACAGTTTG TAAAAGTATT CTCTTAGTAC TAATAGCTAA 60
 TGTAATGATA GAAAATACTA GTGTTATTAA AGATTGAAT AAAATAAAAG AAACTGAGAA 120
 50 ATATTGGAAT GTATTAGATG ATTATTACAC GATTGAATTT GCACCTTATC ACGAAACAAA 180
 ACAAAGTTTG ATTGATAATA TGGTGCATC AGAACAATTA GTAAAGGCTA GTGAAGCAGA 240
 AAATAATGCG ATTTTATTCA AACCAAAGGG TGA CTCCGTT GACAATGACA ACTTTTCGCC 300
 55

TCAACCTGAT ATTCCGATAA AAAATCAAAA AAATAATGTC GAAGTAATTA TTCCACAAAA 420
 GTTTCATGCA ATGCGTAATG AAATCAATCA AGCATATCAT TCATGGTTTG AATTTGTACA 480
 5 AAATAAAAAAT AATAAGAGA ATAAGTTATC TATACAGTTT ATCAACAAAA ATGATTGTCTG 540
 AATTTTTCa TTTGATGCAC GAGATAGTCG CCATTTGTCA TTTATAGAGG CGCCAATCAT 600
 TGTGAATGTT CAGGCATCAG ATTTATCGaA TGATTTtTAT TATGCCATGa TCaGTCaAGG 660
 10 CGGGTATTTa TTCaAAAAATT ATGaCGCGCT AGTAAAAAAT ATTGGAAAAG TATCCATCTT 720
 GATGGGGAAA TCCAGTGGAA TAACCAATTA TAAAGATAGC GTGATGGAAA TGTATCATGA 780
 AAACAATTTG AAATTAACAG TACTCAACTT TTCACAAATC ATTATCGCAA TCATTTTAAT 840
 15 AATTATTATT TTATTTGATG TGAAATATTA TTTTGAACAG CATCGAAAAT TACTCGTAAT 900
 CAAAAAGCTA TATGGTTATT CAACATTAAG AGCCAATTAC CAATACTTAT TAATAAATAA 960
 20 TATAGTTGTT ATTTTATTG GAATATTGAC GAATGTAATT TTACATTCTC ACTATATAAT 1020
 GATGTTATTT GCAACGATTC TTGT 1044

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 649:

25 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 399 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear
 30

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 649:

35 GAACATATTG GGTATGCAA GGnGGTCACT CTTCACACTT ATAAACAACA TTTAATAAT 60
 GTAAAGTTTA ACCAGCTAAC ACTTTTGTTA GCTGGTTTTT ATTTTCCTTC AATTTTAA 120
 TGGTTAAGTC CCCTTCTATA TCTTATAAGA CAATCATTAT AATCAATTCA ATTAATACAT 180
 40 TAACAACCAC AACTAATAAA TATAGTAACT TCAAAATCCA TATTTATGTC TAAAGATAAT 240
 CTCAATGTTG TTCACGTCAA TAAATTATC CCTAGGTTTT TAAAAATTGT ACATGTTTAA 300
 ACAATCAAAA GTGTACATTA TTAAATTATC ATTTCCAGTT AGATTTAGAA AACATTCA 360
 45 CCACGCATGG ACCAACGTAT TCGTCTTcAT TcATTTTAG 399

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 650:

50 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 747 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear
 55

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 650:

	GTACTAGGTT CTAnGATTCC CTACTGTAGT CATAGATATT TTCCAAACAG AGCCTGACAA	60
5	CTTTTCATTT TTAATAGTGA TCACTATATT AATCGCTATT GCAATTTATG CATGTCGATT	120
	TGTTTGGGTT TATTTCTGGT ACAAAGATTT TTATTTCCCG AAAAATATAC AATCTTATCT	180
	AGACGAGGAA CATGATTCAC ATGAAACACC ACCTTCTCGA GTGCGTTACC CATTTATTAT	240
10	GACCATGTGT GGTATTCACG GTACAATTC ACTTTCAATG GCACTTACAT TACCATTTAT	300
	CATTACAAA GGACAAGCAT TCGAATACCG TAATGATTTA TTGTTTATTG CATCTTTCAT	360
	GGTATTAATT AGTTTAATCT TAGCGCAAAT TGTTTTACCT TTAATTACAC CATCTGCCGA	420
15	AGATACTACT TTTAAAGGTA TGACTTATCA ATCTGCCAAA ATTTTCATTG TTCAAAAAGT	480
	GATCCAGCAT TTTAAAAACG AAAGTAAAA AGACAAAAAC GATACAAATT ATCGCCCAGT	540
20	ATTAAACCAA TACTATGGAG AATTGTTATT TTTATTAAAT TCAGAACCTG ATAATCAAAA	600
	TACrAAAGAA CTCAAACGTT TAGAAGATAT TGCaAAAGTA ATCGAAACAT CTACACTTGA	660
	GCGTTTAATT GATAAAGGTA AGGCAACATA TCAGGATATT AATAATTACC GCAATATTGT	720
25	CGAATTAACA GAGACACACC GTACTGC	747

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 651:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

30	(A) LENGTH: 1373 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
	(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 651:

	ATACAATACT CTTTATTAT TCAATAAGCC ACTTCCTATA GCAAATGTTT AACTTTAAAT	60
40	ATTTTTCGAT GCTAACAAAA AATCACAATA TCATCTTTTA AAATGAAAGT GTGATTACAA	120
	GCAAATCTGT AAAATTTATA AAGCAGAAAC AATTCAACTT TATCATTATG ACATTTCAAT	180
	TAAACCTTCT ACATTATAGT TCCAAGCATC TTACACATGA ATGCAAGTAT TTAACGATTT	240
45	AATTGTGACA TAGCCTGTTG ATATTGTGTT TCATTGATAT AATTTTGTTG CTTCAATTTT	300
	TCTAAGTTCG TGCTTACACG TTGCGTAAAA TTCTCTGACA TATTATTGAT ATTATATACG	360
	CTAGGTGCAT TGACTTTACT AGCTAAAATA GCGCTTTGTA AAAGTGTAT GTGAGACATT	420
50	GTTGTACTAT TTTTATTCAC GGTGTGTTCA AAGTAATGGT TTGCTGCGCC CTCAAGCGTA	480
	TATTGATTAT CCCCAAAGTA AATATTATTT AAATAAAGC TTAAATTTTC GTTCTTATTA	540

TCATTATCAT AAAAATAATT TTTGACAACT TGTGTGTAA TGGTACTACC ACCTTGCACA 660
TCTCTGTCGC TAATCGTTGA AAATAAAGCT CTAGTTGTAC CTTTCAAATC GAATCCATGA 720
5 TGATTGTAGA ATCGTTCATC TTCCATTGAA ATAAAGGCAC CTTTAACATA CTCTGGCATG 780
TTATCAGCTG ACACAAAAC TCTTTTATTT TCAATTTTTC TTAGTTCATC CACATTATCG 840
CGTGTAGATA AAAAATACAT GATACCAATA AACAATGCCA TAATGATTAG AATGGTTAAT 900
10 AATATTTTAA ATAGTATTCG TTTACTTTTT TTCTTTTTCG GCGGTTTGCC AACTGGTTGA 960
TAATACGTAT TATAGTGAGG TTCGTGTTTC ATATGCTCAA AATGTTTCATT TGAGTTTGAG 1020
TACCTATCGC TTCTTTTCAT GCGTTTGCTC CTCTTTTAA AACTCACTTA GtATATACCT 1080
15 TGaGTTTACC AGTACTATCA CAAATAGGCT ACACTTTTTG GGAAAATCAG TCCAAGGGCT 1140
TACAATCGTA TACGCCATCA TACTTACTTT TTTGTTTTTT GAAAAAATTA TAGATAAATC 1200
20 ATTGCAATTT TAAATATTAA TCATGTCAA TATTGTTATA TTTTATAAAA ATAAAAGACC 1260
ATCCCTATTA AATGCCAATA GAGACGACCT TTTATTTGTT ATTCATTTAT TAAAACTAAA 1320
ATCCATATTT CATTTCAAAC GAAAATATAT AAATTTTAAC AATCGrTAAC CAC 1373

25 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 652:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 859 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
30 (C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

35 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 652:

GGCAGATAAT TTAGTCATTG TTGAATCGCC TGCAAAAGCA AnAACCATTG AAAAGTATTT 60
AGGTAAGAAA TATAAAGTTA TAGCTTCAAT GGGACACGTC AGAGACTTAC CAAGAAGTCA 120
40 AATGGGTGTC GACACTGAAG ATAATTACGA ACCAAAATAT ATAACAATAC GCGGAAAAGG 180
TCCTGTTGTA AAAGAATTGA AAAAACATGC AAAAAAAGCG AAAAACGTCT TTCTCGCAAG 240
TGACCCCGAC CGTGAAGGTG AAGCAATTGC TTGGCATTTA TCAAAAATTT TAGAGCTTGA 300
45 AGATTCTAAA GAAAATCGCG TTGTTTTCAA CGAAATAACT AAAGACGCTG TTAAAGAAAG 360
TTTTAAAAAT CCTAGAGAAA TTGAAATGAA CTTAGTCGAT GCACAACAAG CGCGTCGAAT 420
ATTAGATAGA TTAGTTGGCT ATAACATCTC GCCAGTTCTT TGGAAAAAAG TAAAAAAGG 480
GTTGTCAGCG GGTGAGTTC AATCTGTTaG CmTTCGTTTA GTCATTGACC GTGAAAATGA 540
nATTGAAAC TTAAACCAG AnGAATATTG GACTATTGAA GGAGAATTTA GATACAAAAA 600

aAAAGATGTT GAGAAAATTA CAGCTGCATT AGATGGAGAT CAATTCGAAA TTACAAACGT 720
 GACTAAAAAA GAAAAAACGC GTAATCCAGC AAACCCATTT ACAAATTCTA CATTACAACA 780
 5 AGAGGCGGcA CGTAAATTAA AcTTTmAAGC AAGAAAAACA ATGATGGTCG CACAACAATT 840
 ATATGAAGGT ATAGATTTG 859

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 653:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 747 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 653:

20 TTCAACTTCG TTTGGAAATC ATGTTCTCTCA ATTGTTGGAC TTAAACGAAT TTCTTTAACA 60
 TTGATAATTT TTTGTTTCTT TTTCAATTCT TTTTCTTTTT TCTGTTGTTT GAATTTGAAT 120
 TTACCGTAAT CCATAATTCT TGCAACTGGT GGTTCGCGAT TCGGTGCAAC GACCACTAAG 180
 25 TCTAAATCTA CACGTTTCAGC CATTTCTAAA GCTTCACGCT TTGATTTAAC ACCAATTGT 240
 TCACCATCTT GACCGATTAA ACGTAATTCT TTTGCACGAA TTTTGTCTATT GATTTGAGTT 300
 TGATCTTTTG CTATGGTTGA CACCTCCAAA ATTTTACGA AATTTCACAC AAGCAAAAAG 360
 30 GAAGAGCAGG TATAAAATAC CCGCTCTTCC TTATACACAG TTATGTGTAA TGTGATTAAAC 420
 CTGCCAACTG CTTTATGCGT CGCTACAGGT GAGAAGCGGG TGCTTCTACT TGGTTCGTTT 480
 35 CGTATTCAAC GTTATTAATC ATATCAACAA TTCACATTTA AGTCAACACT ATAACTGTAA 540
 TTATTTTAT TTTAACCTTT TATTTTCATCC ATTGACACGT CTTGACGTAA ATCTACTTGT 600
 TCTAATGGAA TTTTTTTCGT TTTATATCGA AGCTTATGAT AAATAAAGAA TGCTAAAAAT 660
 40 ACTGGAATTC CCATATACGT AATTAAGAAG CGACTAAAAT TAAAATCTCC TGTnTTAATA 720
 AAGTCAACAT CTTGCCCAAn AAnTACT 747

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 654:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 501 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 654:

TTGTGCTTCT TTTTtagCTT CTTGAACCTC TTGTGCCTCT TGTGATGTAT CACTyAAATT 120
 ATTTGCACTT GCTTCTTCTT TTATCGCTGC TTGTTGTGCT TTCAATGCCA CTGCTTTTGr 180
 5 TTCTTyATTT GATACAGCCA CACTTTTATC CGCTTCTGCT TGTGCTTCTC TTTTAGCTTC 240
 TTGAATCTCT TGTGCTTCTT GTGATGTATC ACTTAAATTA TTTGCACTTG CTTCTTCTTT 300
 TATCGCTGCT TGTGTGTCCT TTAATGCCGC TTGCTCATTT TTAGATTGT TTA AAAATCC 360
 10 TTCAACACGT TCTTTTGTAT AGGCAACCGT TTCTTCAAGT TGC GTTTTTC TTTCTTCAAA 420
 CTTTTCGCAC AGTTCTTGTh CTTTGACTTT nAAATCATCT GCTTTTTGAT AAAC TTTATT 480
 15 TTA AAATACC AACCTAAAGC C 501

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 655:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

20 (A) LENGTH: 830 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

25 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 655:

CACCTTGICA TAATTAATTT TTTGATTTTT CATTTTACTG ATAATAGGTT CAGCATTAAAT 60
 CATGATTTAA CCTCCACAT TTAATCATT ACTTCTATTA TATATGATTC ATATTAAATG 120
 30 TCAGTCAAAA AAGTTAGAAA TTCATTTTAA TGCATTTATA TTTCGAAAAT CCCTTATGTA 180
 TCTAAAAGCA TTTTTTAAAC TTGAATTTTA AAACACTAAA CAACACATAC GTCTCTGTGT 240
 35 CATTTTCATT TTTTGTATGT CATATATATG TTTACTTCAT TTAAATCAAT TTCATCTTAT 300
 AATTTATCGT GTATTTTACA AAAGATTGAC TTCAATTCAT CGTAAAAGTT ATACTTTTGC 360
 CATTTTTTAA TGTAACATGG TGTTAGTAAT AAAAATAATA CATTGAGGTG TTTTACATGA 420
 40 CAGCATTATT CCCTTATATC GCTTTTGAAA ATTCAAAAGA AGCCCTTGCA TATTACGAAG 480
 AAGTATTTGG TGCAACTGAC GTTAAACGTT TAGAAGTTGG CGAAGAACAA GCGTCACATT 540
 TTGGTATGAC TAAGGAAGAA GCGCAAGAAG CAACTATGCA TGCTGAATTT GAAGTGCTTG 600
 45 GCGTAAAAGT GTTATGTTCT GATTCTTTTG GTCGCGCTGA CAAAATTaAT AATGGCATAT 660
 CATTATTAAT TGATTATGAT GTTAACAATA AGGAAGATGC TGATAAAGTT GAAGCATTCT 720
 50 ATGAGCAAAT TAAAGATCAT TCTTCAATTG AAATAGAATT ACCGTTTGCT GACCAATTCT 780
 GGGGTGGCAA AATGGGCGTC TTTACCGATA AATACGGTGT TCGTTGGATG 830

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 656:

55

(A) LENGTH: 539 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 656:

10 GTATCCATGG GCCCGTTnCG CACAACATTT GGnACAATTA GGTACACGnG TTGTCaTCGG 60
 TCGTTTCGGT ATAATTTTAT CGAATGaAGG CGGTGCGTTA CAAACAATGA AACTACCATA 120
 CGAATATTAC ATTGGTGGTA AATTAGGTTT TGGTCAACAA TGGTATTCAT GGATTCATAT 180
 15 CAATGATTTA ATTCAAGCTA TTTTATTTTT AATAAATAAC GAGTCAGCTA GTGGTCCGTT 240
 TAATTTAACT GCACCTATAC CTGAACGTCA AAATTTATTT GGCTACACTT TAGCAAGAGC 300
 TATGCATAAG CCTCATGAAA CTTGGGCACC AAGTCTTGCA ATGCGTCTCA TACTTGGTCA 360
 20 AATGTCAACA GTAGTATTGG ATACTCAAAA AGTATTACCT aATAAAATTC AAGCATTGGG 420
 aTTCCAATTT AAATATAGTA ATTTAAAAAT GGnACTTGAA GATTTAATTA AAGAATAATC 480
 AATACCATTA ATGAGCATTA GAAACAACAT ATGTACTAAA TGTAATGTCT AGAGCGACT 539

25

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 657:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1106 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

30

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 657:

ATCAAGTTGA ATATCATCCA TATTTAACCC AACATAAATT GArATTATAT TTGGCAGCAC 60
 AACGTATCGT gATGGaATCT TGGTCACCAT TGATGAATGC ACAAATTTTA AATGATGAGA 120
 40 CAATTAAAGA CATTGCTCAA GAATTAGGAA AGTCACCTGC CCAAGTTGTT TTAAGATGGA 180
 ATGTGCAGCA TGCTGTGGTT ACAATCCCTA AATCGGTGAC ACCAAACAGA ATCTCTGAAA 240
 ATTTCCAAAT ATTTGATTTT GAATTATCAG ATGAACAAAT GACGCGAATT GATGGTTTAA 300
 45 ATCAAGATAA GAGAATTGGA CCTGATCCAA AAAAATTTGA AGGCTAGATT AAAATCGCTC 360
 AACTGATGAA AAGGTTAGAT GAATTGTCAG GGCTTGGGAC ATTAAGTTCT TAGGCAATGT 420
 50 AAAAAAGCTG ATTTCTATTA ATTATTTGAT AGAAATCAGC TTTTTTGATA TGTATTTTAT 480
 AATGTACAGC TCGTTGAGCT GCTATTTTCC TTATATTAAG TGCCATTAAT ACAAACCTA 540
 GCTCTCGTTT AACTTTATTT AtTCCTCGAA CTGACGTTTC AGTTAAACCC AAAATAGCCT 600

55

CTGGTTCAGA AAGCTTTTGA TTAATTTGGA CTTTAAAGTA TTCCCAATTA TAATTCTTCA 720
 TGATTtTCTT ATTGGATTTT GAATTTGGTT TCATGCATTG TTGCCTCAAA GAACATGCTG 780
 5 AACAGTCATC GCATTCATAT AGTTTGAAGT CTCGTTTAAA ACCATATCTA TCATTACGGT 840
 ATGCATATCT TTTAAAACCT ATTCTTTTGT TATTAGGACA TATAAATTCA TCATTAAGTT 900
 CGTCATATTT CCAATTTTGA GTGTCGAAAA TGTCACTTTT AAACTTTCTA GTTTTATCtT 960
 10 TAATAAACAT GCCATACGTA ATAAGTGGCG TTTTATTAAA ATCATCTATA ATGGCCATAT 1020
 AGTTTTGGCT CACTACCCAT AACCTGGCAT CAGCTACCAA ATGAACCGAA GGGATTTTTG 1080
 15 GAATCCATTG GTTGAAAAAA TGGGAA 1106

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 658:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 400 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 658:

TTTTAACTTT ACTCTTTGAT TTAAAGAGTG ATAAATGTTT ACAGTTTAAT TAAAAC TGCA 60
 TAAGAACTTC TAGCTTTTCT CTTTCGTTCA AAGAGAAGCA GCTGTT CGCA GTTTAATCAA 120
 30 AACCACATAA AGCTTTTAAAC TTTACTCTTT GATTTAAAGA GTGATAAATG TTTACAGTTT 180
 AATTAAAACT GCATAAGAAC TTCTAGCTTT TCTCTTTCGT TCAAAGAGAA GCAGCTGTTC 240
 35 GCAGTTTAAT CAAAACCACA TAAAGCTTTT AACTTTACTC TTTGATTTAA AGAGTGACAA 300
 ATGTTTACAG TTTAATTAAA ACTGCATAAG AACTTCTAGC TTTTCTCTTT CGTTCAAAGA 360
 GAAGTTCTAA TACCACCATA TCGTGCGATC GGAACGGTA 400

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 659:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1899 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 659:

ATAATTACAA TGGCTACTGC AATTATTGTT GGAATTATAT ATTTAGTTT AGTCATCATT 60
 TATGCTCCCT TGATTTCAAA TTCATATCAT TAGTTTACCA TATTGAAGAT GATATAATAA 120

AACTTTAACT GAGCTTCATG GGGCACCAGG TTTTGAAGAA GAAGTAAAAA ATTATATGAC 240
 TCAGCAAATG GCGCCGTACG TAGATGAATT TATTGAAAAT CGTATGGGTG GATTTTTTGG 300
 5 TGTGAAAAAA TCTAAAAATC CAAATGCAAA ACGTGTAAATG ATTGCAGCAC ATATGGaTGA 360
 AATCGGATTT ATGATTACAA ATATCACTAA AAATGGAATG ATTCAATTCA CAAATTTAGG 420
 TGGTGTGCA AATGATATTT GGCAAGGACA ACGCTTAGTA ATTA AAAAATA GAAATGGCGA 480
 10 TAAAATTATC GGTGTTGTTT CTAATATACC TAAACATTTT CGTACTGGTA GTGAAGGTGC 540
 ACCGGAAATT AAAGATTTAA CATTAGATAT AGGTGCTCAA AATGAAGATG AGGTGCGTGA 600
 15 GCGCGGAATA GATATAGGAG ATACAATTGT ACCTCACACG CCATTCACAC AGTTATCTGA 660
 ACATCGATAT AGTGCTAAAG CATGGGATAA TCGTTATGGT TGTGCTTGG CAATTGAAAT 720
 ACTAGAATTA TTA AAAGATA TAGAATTAGA TG TAGACTTG TATGTTGGCG CAAATGTTCA 780
 20 AGAAGAGGTT GGATTACGAG GTGCGAAAGC ATCTGCAGAG ATGATAGACC CAGACGTTGC 840
 ATTTGTAGTT GATTGTTTAC CTGCCAATGA CGTTAAAGGA AACCAACCAT TATCTGGTGA 900
 ACTTGGTAAA GGGACGTTAA TTCGCATAAA AGACGGTACA ATGATTTTAA AGCCTGTATT 960
 25 TAGAGACTAT TTATTAAAGT TAGTAGAAGC ACATGACATT GAACATCAAT ACTATATGTC 1020
 ACCAGGTGGA ACAGATGGTG GAGAAATTCA TAAAGCTAAT ATTGGTATTC CGACTGCAGT 1080
 TATTGGTGTA TGTGCACGAT ATATTCATAG TACAGACTCA GTATTGATA TAAGAGACTA 1140
 30 TTTTGCAGCT AGATCTTTAC TTTCAGAAGC CATTGTGAAT TTAGATAATA ATCAAATAGA 1200
 AACATTACAA TATAAATAAT CGGGTAATAA CAACTATTAT CTCTAAATAG TTATATATAA 1260
 35 TCATTAATTA AGGAGACATA AAAATGAAAC AACTTGAATC AGAACAACAA TTTGAATCTT 1320
 TAAAACAAGG TGCTACAGTA TTTGAATTCA CTGCAGGCTG GTGTCCAGAT TGTAGAGTGA 1380
 TAGAACCAGA TTTACCGGAA TTAGAAGCGA GATATCCTAT GTTGACTTC GTATCAGTAG 1440
 40 ACCGTGATAA ATTTATGGAT ATTTGTATTG AAAATGGTAT TATGGGTATT CCAAGTTTTC 1500
 TAGTATATAA AAATGGAGAA CTGCTTGGA GTTATATTGG AAAAGAACGA AAATCAATTG 1560
 AACAGATAGA TGCATTTTTA GCTCAATACG TGTAATTTAG ACTAGAGAAA AACGGGGTAA 1620
 45 TACTCGTTTT TCTCTGTTAC TATGTGTTGA TTTATGTAA ACTATTATAA GGTGCGAAAT 1680
 TAGGAGTGTT ACATATGAAT ACCTTTCAAA TGAGAGATAA ATTAAAGGAA CGTTTAAGCC 1740
 ATTTAGACGT TGATTTTAAA TTTAATCGTG AAGAAGAAAC TTTGCGTATT TATCGAACAG 1800
 50 ATAATAACAA AGGTATCACG ATTAACTTA ACGCTATAGT CGAAAATAT GAAGATAAAA 1860
 AAGAAAAAAT TG TAGATGAA ATTGTTTATT ACGTTGATG 1899

55

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3774 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 660:

GTATAATATC CTTTCAATCT GTTTTCATAT TTTATATATT TTTTAAATAT AAGTGCTAAA 60
 TGTTTTAACT AAAGCATAGA TTGACAAGAT GTTATACAGA ATTTCAAATT CTATCCAATA 120
 TTGTTTGAAG TGTAGTATCA CTGGATTGGT ATTAAACAAT GTAAAGGAGA GATTGCAAAT 180
 GCCGTATAAT TACAAGAAAC AAAATGGAGA GTTAATGTCT GTAATGAGCC AAGGTGAAAA 240
 GTTTATTTCAT CAATCACCCG TTAATGATGA ACTTAGTGCA TTGATTAAAGT TATTAATTTTC 300
 TAAATTAAC GGTGTGCATT ATTGTGTTGA TATCCATAAA AAAGAATTAA AGGAATTGGG 360
 TGTAaCACAA ATGAAAATTG ATGAAGTCTT GAGTTTGA CATTAGATT TATTTACTGA 420
 TCAAGAAAAA GTGACGCTTG AATTTCGAGA AATGTTAAAT TCAATCAAAG ACTTTAAGAA 480
 GTTTGAAATT ATTGACCGGC TAAATCATT TTATGATGAA GAACAAATTA TTGATCTTGT 540
 CTTTGTGTGA AACCAAATTA ACGGTTGGAA CAGATTAAAT ATTATTAGTG ATAGACTATA 600
 ATTGTTTCATA TAAATGCAGA GTTTCATCTC GAACGCTATA TCATAACAAA TCATGCCACT 660
 ATACAGGTCA AATCTTGAT AGTGGCATT TAAATTTATCC CTTTGAATAC TGTATTTTAA 720
 CGAATATCGG TCCACCTGGT CCAACAGGGA TACCTAATAG GAACCAAATG ATGACAAATA 780
 CTGTCCATAC AATACTTAGC GCGATTGAAT ACGGCATTAA ACTAGAAAGT AAGGCTCCGA 840
 GTTTCATGCG TTTATCGTAT TTTTGTGCAT AAGTTAATAA TAAAGGTAAG TACGGCATCA 900
 TCGGTGTAAT TGGATTGGTA ATTGAATCGC CTACACGGTA AATGACTTGT GTGAATGCGG 960
 GATGAAAGCC GATAAGGATT AACATTGGTA CGAATATCGG TCCTAAAATA CCCCATTTAG 1020
 CCGATGCGCT TCCGATTAAAC ATGTTGACCA TTGCACTCAG TACAATAATA CCTAGTATCA 1080
 ATACAATACC GTTTTGATGT TCTAATAATT TGGCACCTTT AACAGCAGCG ATAATTCCTA 1140
 AATTACTCCA CTTTAAATAC GCAAGTAGCT GTGCTGCAA AAACACAATA ACGATAAATG 1200
 TTCCCATTGA TCCTACAGCA TCGCCGAACA TTTTACCTAA GTCTTTTGTA TTTTAAATTT 1260
 CTTTGCTTAA AATCCCATAA ACTAATCCAG GTACTAAAAA TACGACAAGA ATAATTAATC 1320
 CGACACCGTT AATTAATGGC GCATCGTCTA GTAAGCTGCC TGTTTTAGCA TTTCTTAAAA 1380
 AGCTATGTTT AGGAATGGCT GTAATAATTA ATAAAAAAT TGTGACTATG AACTGATAT 1440

CATCATGCAT TAAACTGTCA TCATATTTTC CTAATCTAGG AATAATGAGC TTAGTTGTAA 1560
 CTAGCAATAT CGTAGGAAGT AATACAACGA CACTCGCTGC GATAAAGTAC CAGTTCATAG 1620
 5 CAACGTTTGT TTTAATAGAA TCTGAAACGA TACGTGTTGC CGGTTCTGTA AATGAATAGA 1680
 CCAAAGCATC TTGCATACCA ACAACTATAT TTGCTGCAAA TCCTCCAACA GCGGAAGCAT 1740
 ATGCCATCGT TAGTCCAGCG ATAGGGTGAT AGCCAATTTT AATAAAAAGC ATTGCTGCAA 1800
 10 GCGGCGGCAA GATAATTGTC GCAGCATCGC CGGCTGTACT ACCTAAAATA CCAATTAATA 1860
 TAATAGTCGG TAAAATTAAG AAACGTGGTG CGCGATTCAC AACAGAAATC ATTAACCTAT 1920
 CGAAGTATCC TGTTTTCTCT GCAACACCAA TACCAATCAT CACTGCTAGT ACTAAGCCTA 1980
 15 ATGCTGGGAA CTCTGAGAAA TTTTAAATCG TATCATTATC TATCATCGTA AATCCATCAT 2040
 GGCTAATTAT ATTTTAATA TAAATGGTTT GATGCGTACC TGGATGCTTA ACAGATACAT 2100
 20 TAAATAATGA GATAACCCAT GTCATAATGG CTAAGCCCAC ACACATTAAA AAGAATAAGA 2160
 CGCTAGGATC TGGCAATTTA TTTCCGATTT TTTCAACACT ATTCAAGAAA CGATTGACGA 2220
 TAGACCCCTT TTGTTGATGT TTTGATGTCA TCAATTATTC CCCCCTTGT TAAATATTTA 2280
 25 AAGTGTAACA AAAAATACTC TCAAAAGTAA CAATTTTCAG GAAATAAAAA AACTAATATT 2340
 GTTAAATATT TTGAGTTATT CAATAGAAAG TGTATAGCAG AGTAGTTAAG ACTGCCTGAA 2400
 GACTTATCTA TTAGGTTTAT GAAGCATCGA ACAGTGGAAG ATAAGGACTG TAAGTTTAAG 2460
 30 ATATGTTGTA TAGGAGTGAC TGAATGAAAC GTTTGGAAGAA TAAAGTAGCA GTCGTAACAG 2520
 GAGCAAGTAC AGGTATCGGT CAAGCTTCTG CAATCGCTTT AGCTCAATAA GGTGCGTATG 2580
 TATTGGCGGT AGACATAGCT GAAGCGGTAT CGGAGACTGT CGATAAAATT AAAAGTAATG 2640
 35 GTGACAATGC GAAGGCGTAT AATGTGGATA ATGCAAGCGA ACAACAAGTG GTAGACTTTG 2700
 TGTCTGACAT AAAGGAACAG TTTGGAAGAA TCGATGTGTT GTTTAATAAT GCCGGTGTGG 2760
 40 ATAATGCGGC TGATAGAATT CATGAGTATC CAATAGATGT GTATGACAAG ATTATGAATG 2820
 TAGATATGCG TGGGACATTT TTAATGACGA AAATGATGTT ACCTTTAATG ATGAATCAAG 2880
 GTGGCTCTAT TGTTAATACG TCTTCATTTT CCGGACAAGC AGCAGACTTG TATCGCTCTG 2940
 45 GATATAATGC TGCGAAAGGT GCAGTGATTA ATTTTACAAA ATCAATCGCA ATTGAGTATG 3000
 GCCGTGATAG CATTCGAGCC AATGCGATTG CACCAGGTAC AATTGAAACC CCGTTAGTAG 3060
 ATAAACTGAC AGGTACGAGT GAGGATGATG CAGGTAAAAC ATTTAGAGAA AATCAAAAAT 3120
 50 GGATGACTCC GCTGGGACGT TTAGGTAAAC CAGAAGAAGT TGCTAAATTA GTAGTCTTCT 3180
 TAGCATCTGA CGACAGTTCA TTCATAACTG GAGAGACGAT TCGAATTGAT GGTGGTGTGA 3240

55

AATTATTAA AATCGATATC CAGTGGAAAA GAATTTGGCA TGAAGTAGGC AATGTATGCA 3360
 TATTGTCGCA ATGAAAGACA TTAAAGCGG AGATTAAATTA ATCTTTGAAA ATCACATATT 3420
 5 GTTCATTGA AGTGTATTGC TTAAAGCTTG TTTTAACGTA TTGTAGGTCG TGCATCTAAT 3480
 TTATCAGAAT CTCGAGTTCA AACTTTGGGA GTATCTTTAA AATAAGCTGT ATTTTGTCTA 3540
 10 TTCTAATAAA TTAAGGAGAA TTTTATGTTA AAAGAAAAAG AAAGTTTTAG ATTGCTATAT 3600
 CAAGCTATAA GAGAGATTGC AGATAAAATT GGAGATAATC AGTTAGAAAC TAATTCGGTT 3660
 AGTTTATTAT tATTGGACTT TGATTTTGAA CATGAAGTAT TTGATGAATT GTATCTGTG 3720
 15 ATTTtAAAAT ATTTAAATAC AGTAAGTATA GAGAACATAA GTCATAGTGA GCTT 3774

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 661:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1078 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 661:

TACTGGTTTT GGATTTTGGG GGTAAATACAG TACCTAATAG TAATtATGGT GTCGTCAnAA 60
 TTATATCTTT CCGTGATGTT CTTACTCATT AGAACATCnG CCTTCAGAGG AATCATGATA 120
 30 CGAGGAATAA GAAATTTAAA TGTGAGCGAA GTCAATATAG TATTTGCGAT TATTTTTTATT 180
 AACTCCATTA TTATTGTTAG TTTGATTTTT CGAGGATAAC TTCAATTTTT GCATTTTGAG 240
 35 GTTTTTTAAC ATATCTATTT GCATCAGTTG ATGGCAACCT TTTACTTAAA TCTATTGTGT 300
 AGTTATTGTC TGCACCTGTT ATTTTAATTT GTCCTTTTATT ATAAGAATTA TTATATAATT 360
 TTTTACTTTT AATTAATGTT TGACGAATAC GAAAATCTAA TTCTTTTAAA GTTAAAACAG 420
 40 GCTTATTGCC TTCATAAACT GGAAATCCGC CAGTAAACGT TTCTGCTTTA TCTTTATATG 480
 TTACATTGAG TTTATAGTGT TTATCGTTAG ATGTTGCTGC AGGAGTAACA CCACCAGTAA 540
 ACGTTTCTTG AGATAATGCA AAAGaATCAA TGGTTTCTTG GTCTTTTATG CyAAAAATAT 600
 45 CAACGCTTTT ATTTCTTAAT TGGTTGATAT TGCCCCAACT TTCAGGTCCA TAAACTTGAA 660
 TATGACTATA CCAAGaAAAC TGTAACAACG TTGCATGAAT CgTACCGTTA TCTTTTTGCC 720
 ATAACGTAAT GTTAGAGAAG GTTAAATATT TTTGCGAGTA ATATTTAGTT AACTCATTAA 780
 50 CGTTAGTTTC GTTTTGATTT ATATAAtAAG cTTTCGCTTC AGATGAAGAA TTGATAkGTG 840
 TATTAGGAAA TTGTGTAGAT GCTGTACCTA ATAGTAACAA TGTTGTTGAT AAAATAATTT 900

ATAAAAAGGG GTTAATTAGA TAATTGAAAT TATCCGCATT TACAAAAGGT AATAGGTTAG 1020

TTAGATTTTT CGAGTATGAC TCAATTTCTG CATTACGAGG ATTTTAAACA TAACGGTT 1078

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 662:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1398 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 662:

AACTTGCTTT TTAGTATCTA CGTTAATATT AATAGCTTTA ATTTCACTTG TATTAATTAA 60

ATCAGCTGTG TAAATACCTG CTTTCAAATC GATAACTTTC TTTGTTCCAT TTTTAAAGTA 120

AACAGTATAT TTCGCTTGCT TCGATAGTCT TAAATCTATA TCACTAATAC CTCTGTCTGA 180

TTTTAAACT GATTTAACTC TATCCTCTAA ATCTTTATAA CTAATATTTT GATTCTTATT 240

AAATGTTAAG CTTGATAAAA TATTTTGGCT TGTACCGTTC ACAGTGATTG CATATGGAAC 300

ATGGACTTTA GAATATCCAT GGTGTAACGA ACTTGATGAT TTATCTAATG GCTTAGCTGC 360

GGCAGACGCT TCATTATTAT TAAAGTTTGC ACCTGTTGAT GCTAAAACAC CTAATGCTAA 420

ACTTGTTGTA ATCAATGACT TAAATTTTCAT AAATTATCTC TCCTTTTTTG TGTAATTCGT 480

ATTTGCAACT TAATTATAGC CAGACTTTCT CTATTTTTTG AATTAACTGA ATATTAATAA 540

TAAATTATCT TTAACAATAA TTTTAAACA CTGTTAAAAG TTCTTTTAAT TTTGATTAAAC 600

TAATTAATTT ACAATACCTA AAATGTTGTT TGGTTTTGTT TATACCAAGC TTCAAACCTA 660

AATGTCATAA CAACATTCAT TTCTTAATTC CTATTAGATT TGTCGATTAT ATTTACAGCA 720

TCTTTATACT CAAAAACAT TTACTTAAAA ATATAAATTC GATTTAATAA TTAATTTAAA 780

TTTAGTTAAT CAATTTTGCA TCTATTTTGT TGTAAGCTAT ATAAAAGGAG TGATAATGAT 840

GGTGAAAAAA ACAAAATCCA ATTCATAAA AAAAGTTGCA ACACTTGCAT TAGCAAATTT 900

ATTATTAGTT GGTGCACTTA CTGACAATAG TGCCAAAGCC GAATCTAAGA AAGATGATAC 960

TGATTTGAAG TTAGTTAGTC ATAACGTTTA TATGTTATCG ACCGTTTTGT ATCCAAACTG 1020

GGGGCAATAT AAACGCGCTG ATTTAATCGG ACAATCTTCT TATATTAAAA ATAATGATGT 1080

CGTAATATTC AATGAAGCAT TTGATAATGG TGCATCAGAC AAATTATTAA GTAATGTGAA 1140

AAAAGAATAT CCTTATCAAA CACCTGTACT CGGCCGTTCT CAATCAGGGT GGGACAAAAC 1200

TGAAGGTAGC TACTCATCAA CTGTTGCAGA AGATGGTGGC GTAGCGATTG TAAGTAAATA 1260

CAACAAAGGC TTTGTTTATA CAAAAATAGA GAAAAATGGT AAGAACGTT CACGTTATCGG 1380
TACACATACA CAATCTGA 1398

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 663:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1200 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 663:

TTGTAATTGG AACGTACGAA CTTTTCTAGG TAAGAAACGT CGAATCTCGT CCTCATTATA 60
ACCAACTTGT AGTCGTTTAT TATCTAAAT AATTGGACGA CGTAATAAGC CAGGATTATC 120
TTGAATGATT GAATATAAGT CTTGTAATGG TAGTGAATCA ATATCAACAT TTAATTTTGT 180
GTATGTTTTA GAACGTGTAG AAATGATTTC ATCAGTACCG TCTTCAGTCA TTTTAAATAT 240
TTGCTTAATT TCATCAATTG TTAAATGTTT AGAAAAATA TTACGCTCCG TATACGGAAT 300
GTCcATGTTT cTGkTAACCA TGCTTTTCGCT TTTACGGcAA GATGTGcAaC TTGGtGaAGT 360
aATAATGtT ACCATACATC TCACTCTCCT ATTTGAATGA ATAAAATTCA TTGCTTAAAA 420
TTTAGTTATA GATCAAGAAA AAACATTTTT TTCTAAAATT CTTAATCGTT ACTATTTATT 480
ATAACTATCT AACATTAAAA TTAAATGAGA AAAACCTAAT TTTTCAGATA AGTTTCTACA 540
CTTATAAAAA AGATTATTAA TCCCTTTGTT AGTAGTAAGT TATACGTATA TTCTAACACA 600
TCTTACATTT TTAAGAAATA CTGTTATAAT GATAATTATT AAAATATTAC TAAGAAAGTA 660
GGCATTTAAA TGGAGACATT ATTTTCAGGC ATCCAACCTA GTGGAATTCC TACTATTGGA 720
AATTATATTG GCGCACTAAA ACAATTTGTT GATGTGCAAA ATGACTATGA TTGTTATTTT 780
TGTATCGTAG ATCAACATGC AATTACAATG CCACAAGATC GTTAAAAATT ACGTAAACAG 840
ACCAGACAAT TAGCAGCGAT TTATTTAGCT TCTGGTATAG ATCCAGACAA AGCAACATTG 900
TTCATACAAT CTGAAGTCcC TGCACACGTA CAAGCAGGAT GGATGTTAAC TACGATTGCT 960
TCTGTTGGAG AATTAGAGCG TATGACGCAA TACAAAGATA AAGCTCAGAA AGCAGTTGAA 1020
GGTATACCTG CTGGTCTATT AACATATCCA CCTTTAATGG CAGCTGATAT TGTTCTTTAC 1080
AATACTAATA TCGTCCAGT TGGAGATGAC CAAAAGCAGC ATATCGAATT GACTCGTAAC 1140
CTTGTAGATA GATTTAATAG TCGCTATAAT GATGTGCTTG TGAACCTGAA ATTCGTATGC 1200

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 664:

(A) LENGTH: 787 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 664:

10	TGTACCTTTT GCTTTAATAA ATACTGTTTC TTTATCATAA TTAGGTTTCAG TTAAGAAATT	60
	AAATTGTAAG CTTTGAGTAA TATTTTTTTTG ACTATCACTT GTTGTAGCTG TACGTGTATA	120
	CATTTTAGTA TCACCATCAA GATTCTTCTC AGAAACTTGT TTGATTTTCAG AATTAATCTT	180
15	TGCAAATGAA GTAGCTGGTA ATACAGTGAA AGTAGTCGAT AGTGCTAAsG wACAAATTGT	240
	GATATTTTTA CATAGTTGTT TAATCATTAG TAATCCGCCC TTTCAATATT ATCCTTCTTT	300
	ATAAGGTTTA TTGTCATCAG AATATTTATC AACGACTTTA ACTGTTTTAT TTTTCCAATC	360
20	AACTTCATAA GTGACAATTA ATCTTTGACC ATCTTTATTT TtcTCTAAAA TTGGAGGTGC	420
	ATAATGTATy CCAGGTCTGT TTTTCAAAAT ATCTTGATTT CGTGTGTATG TTACTTCAAA	480
25	TTGCGTTTTTC TCATTTGACT TTTTATTAGA TAAATAAGTT AAAAATTCTG GATTAAAGCC	540
	ACTTCTTACT AATGCTGGGT ATCTATATTT TGAAGCAAAG CTTAGTTCaG GGTTTTCTAC	600
	AGTAGCAATT CTCGTATTTT TATAGAATAA TAATTCATCA TTTCTATTTT TCACTTCTCC	660
30	ACCATACTTC AAGTCATTCG CAATAACTGA CCAGTGTACA TGgCCAGTTn ATTTATTTTT	720
	ACCGCTGGCA ATTGTGTCAT AATTTGCTGC ATCATCAACT AATCGTTTTG GAAGTAGCTA	780
	TTTGCTG	787

35

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 665:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 533 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

40

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 665:

45

	TTATCTGTCA TTAACCACTG GTACATGTGA ACCCGGChTn AATCAATATA TATATTTAAA	60
	AGCAAAGGCG CGCCATGTGC CTTTtTThTA tTTTGTATAT CTGTATCAAA ATCGATTTGA	120
50	TTAAATCCG CTTTATTTTA TCATCTATTC AAATGATTTT AGTGCCTTA TTTTACTATG	180
	GCATTATTGC CTAACCTGTT TGAGATATAT TAATATTTGA TGATTTCGTAT TCAAAGTTTT	240
55	CATTTAACAT GTATTTAGTA TCAIGATAGC TGCTTCATTG ATGATATACT ACCTACTTTT	300

55

CAGAGGCAAT ATTGAACAAT TCTTCATCAT GACTATTTTC CATCACATAA CTATGCTTAG 420
 CGAACGCTAA CATATCTTTA TCATTATTCG CATCTCCGAA GGCCATGAGC TCTGAAGGAG 480
 ACATTTCCCA TTTATCTAAC AATCGTTTTA ATGCCTGnCC TTTAGTCATG TTT 533

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 666:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 400 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 666:

GACTTCTCTT GCACTAAAAA TTGCTCAAAT TGCTCGCTGT CATAACCAGG CGGTGTTTCC 60
 AACCATACAT ATATGCCACC TTTAGCATGA ACAAATGGCA AATCAGCTTT TGCAAGCATG 120
 GCTTCGAATC GGTACGACG TGTTTTAAAT ACATTGCTTT GTTCTTCTAA AAAATCATCA 180
 TAATGGATT C AAAGCATATA TTGCGGTCAT CTTGTAAATG CACCAAACAT CCCAGCATTT 240
 GTGTGCGTTT GGTACTTTTT CAAAGCTTGA AATCATATCT TTATTACCAA CTGCCAAAAC 300
 CGACTCTGAA AACCTGGACA TGTGATGAA CCTTTnAGAC AAGGGAAGAA ATTTGCAATC 360
 GCAACATCTT TGCCCATTTT nCCGAAGCAA GTGnGACTAG 400

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 667:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 412 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 667:

TCTCCAATGC TACTCAAATT AAAAAGGTTT TAAATATTGT TAATTCTGAT CCAGAGCGAA 60
 AGATTGTTAT CGTTTCTGCT CCAGGTAAAA GACATGATAA TGATATTAAA ACAACTGATT 120
 TGTTAATCAG ATTATATGAA AAGGTCATTA ATCATCTTGA TTATCATGAT AAAAAAAGAG 180
 AAATTATTCA GCGTTATGAT GATATTGTAA AAGAATGCA AATGGATGAA AGTATTTTAC 240
 GGACGATAGA TGTGACTTTG GAACATTATA TAAATCAATT AAAAAATGAA CCAAAGAGAC 300
 TATTAGATGC ATTACTTTCT TGTGGTGAAG ATTTTAATGC GCaYtGAtA GCyTTATATA 360
 ATAAtAGTCa gGTtACCAAC AAmATwTATA TCCcCGAAGG AAGCGGGTAT TT 412

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 400 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 668:

TTACTCGTTA AAGATATTGT AAAAGATGAA GTGACAGAAT ATGACATTCA TCAAATGTTA	60
CCGCATCCGA TTAATATGGT AAGGGTTAGA CTTTTTGGTG TGAAATTAAA AGAGATTATA	120
GCTAAAAGTA ATAAACAAGA nTATATGTAT GAACATGCAC AAGGTTTGGG TTTCAGAGGG	180
AATATATTTG GAGGATATAT TCTTTATAAT TTAGGGTACA TTCATTCTAC AGGGCGTTAC	240
TATCTGAATG GAGAAGAAAT CGAGGACGAC AAGGAATATG TACTAGGTAC GATAGATATG	300
TATACGTTTC GTCTATTTC CCAACATTGA AGGATTACCA AAGAGTATTT AATGCCAGAG	360
TTTTTCAGAG GTATATTTAA nGAAAATTAT TGGCTATTTA	400

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 669:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1236 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 669:

TGTTTCGATAT TTTTAAATTT ATCTTTTAAA TACAACAACCT GTTTCGTAAT TGATTTAACT	60
GTTTTATGAC TAATGCCATT GAATATTTCT AGCGTTTTAT TTAACCTATC GATAATCGCA	120
TGTAAATCCT TCAAATGTC TTTTGTTCCT AAAGTAAATA CATTATGGAA GCGATGAATA	180
TCATCATCAT AAACATCAGA ATCATTGATA ATCGTAAATA TCGTTGAGAA CAATTGCTCA	240
TTTAACTCAT GAATCTCATT CATACTAGCC TTCAAGCCAA AAATATCAAT TGGTGCAATA	300
TCTAATTTTT CCAAATTCG CTGCTTTTCC AGTTGATCAA TTGCCTTTAA CAATTTTTCA	360
TTTTCGTTTT TACCAATCAA ACCAAGCTGA TATTTAATAT CAGCATAACT CAATCATTTT	420
GTCACCTGAT TTAAGGCATA GTCTGTAAG CGATGTGCTT CATCCACTAT ACAATCATCA	480
AACAATTGAT ATATTGAATT TTCAACATCA GAATGaATTA AATGTGCATG ATTTGTAATA	540
CCAATTTGaT TGTCTGTGC ATTTGCTTA ATAAATTAT aATAATGAAC ATCGTGACGT	600
GCCGGTACAT ATGTTTCAAT TTTCTGGTca AAATACATCT TTTGACCACC TTTTAAATTT	660

ATATTCACtT CGTAATTACT TGTGTCATCT TTTAAAATTT GACTAATAAG CCCCATGAA 780
 ATGTAATCaC TtTACTTTT AATCAATAGT GCATTAAATTT TAAAATTCAA CGCTTCATTC 840
 5 ATTGCTGGAA TATCTTTTTT TAACAATTGA CTTTGCAGTA ATTTAGTATT GGTAGAAATC 900
 ATGACATGCT TCCCAGTTTC AATATTATAC ATCAAGGCCG CAAGTAAATA TGCTAATGAT 960
 10 TTACCACTGC CTAGTGATGC TTCAATCATT GCTTTTTTCAC TATGCATGAG CTGATCTAAT 1020
 ATAGTTTTCCG CTAATATATA TTGTTGCGGT CGATATGTTA AGCCAAGTTG ATCTACAGCT 1080
 TTGCTATATA AAGACTTCAA GCTGCCATTA TAATTTGTTG TCGGCTTTTT AAAATCAACT 1140
 15 TGCTTACGAT AGATAATCTG TTCGAACTTT TCGTACGATT TATCCAATGG CTTTGCATCA 1200
 TATTGCCTAA CCATCTCAAA GAAAATATCA TACAAA 1236

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 670:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1819 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 25 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 670:

30 ACAsAATTAT TGACCAATAT GACTCGTGGA CTGATATGTT TAAAGCACTA CTGCATGAAA 60
 CATTTAAAGC ATATGGCGTT CTATTTATAG ATGCGCAGTT TGAGCCGTTA AGAAAAATGG 120
 AAGCGCCTAT GTTTAAAAAG ATTTTGAAAA AACATCAGTT GCTTGATGAT GCTTTTAGAG 180
 35 CAACACAACA ACGTACTCAA AATCAAGGCT TGAATGCGAT GATACAAACA GATACAAATG 240
 TTCATTTATT CTTACATGAT GAAAATATGC GTCAATTAGT tTCGTATGAT GGTAAGCAyT 300
 TTAmATTAAA TAAACAGAT AAGACATATA TAAAGGAAGA AATTATAAAT ATTGCGGAAA 360
 40 ATCAACCKGA ATTATTTTCT aATAATGTAG TGACAAGACC ATTAATGGnA GAATGGTTAT 420
 TTGAACACGG TGGCATTGTG TGGAGGACCG AGTGAAATTA AGTaCTGGGC TGAACATAAA 480
 45 GATGTATTTG AACTATTTGA TGTTGAAATG CcTATCGTGA TGCCAAGGCT TAGAATTACT 540
 TATTTAAATG ACCGTATAGA AAAATTACTT TCGAAATACA ATATTCCATT AGAAAAAGTG 600
 TTAGTCGATG GTGTTGAAGG AGAAAGAAGT AAGTTTATTA GAGAACAAGC ATCACATCAA 660
 50 TTTATTGAAA AGGTAGAAGG TATGATTGAA CAACACGCTC GTCTAAACAA AGACTTATTA 720
 GATGAAGTGG CGGGGAATCA AAATAATATT AACCTTGTGA ATAAAAATAA TGAAATTCAT 780
 ATACAACAGT ATGATTATTT GTTAAAACGT TATCTTTTAA ACATTGAAAG AGrAAACGAC 840

5 GAAAGAATAT GGAATCCACT TCAAATTTTG AATGATTTTG GGACAGATGT GTTCAAGCCC 960
 TCCACCTATC CACCACTTTC TTACACTTTT GATCATATTA TTATAAAACC TTAATATACC 1020
 AAGGGTTTAG CCCGATTTAT CTTAATGATA AATCGGGCAT TTTTTTGTTT TTTAAATAA 1080
 ATTTCAAAA TTTTGATATA ATAGTGGTGG ATAGTGGGA GATGTGGTAA ATTATATATA 1140
 10 AGGTGAGGTG ATAAAAATG TTCATGGGAG aATACGATCA TCAATTAGAT ACAAAGGAC 1200
 GTATGATTAT ACCGTCCAAG TTTCTGTTATG ACTTAAATGA GCGTTTTATT ATCACAAGAG 1260
 GCCTTGATAA ATGTTTATTC GGTACACTC TAGACGAATG GCAACAGATT GAAGAGAAAA 1320
 15 TGAAAACCTT ACCTATGACA AAAAAAGACG CACGTAAGTT TATGCGTATG TTCTTCTCTG 1380
 GTGCTGTTGA AGTAGAACTT GATAAGCAAG GCGGTATTAA CATCCCTCAA AACTTGAGGA 1440
 AATACGCTAA TTAACTAAA GAATGTACAG TAATCGGTGT TTCAAATCGT ATTGAGATTT 1500
 20 GGGATAGAGA AACTTGGAAT GATTCTATG AAGAATCTGA AGAAAGTTTC GAAGATATTG 1560
 CTGAAGATTT AATAGATTTT GATTTTAAA ATGGAGGAAT TGAAGtGTTT CATCATATCA 1620
 GCGTTATGTT AAACGAAACC ATTGATTATT TAAATGTAAA AGAAAATGGT GTGTACATTG 1680
 25 ACTGTACGCT AGGTGGAGCG GGACAnGCCC TTTATTACT AAATCAATTA AATGACGACG 1740
 GAAGATTAAT AGCAATCGAT CAAGACCAA CTGCAATTGA TAATGCTAAA nGGGTATTAA 1800
 30 AGGATCATTT GCATAAAnG 1819

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 671:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

35 (A) LENGTH: 609 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 671:

40 ACCAATTATT GGACAGGAAT TAGCAAAAAA TGCAATGCTT GCATTAATCT ATGCATCGAT 60
 45 AGGTATCATC ATCTATGTAT CATTACGATT TGAATGGCGC ATGGGTCTTT CATCTGTATT 120
 GGCATTATTA CATGATGTAT TCATTATAGT AGCGATTTTC AGTTTATTTA GAATTGAAGT 180
 AGATTTAACA TTTATCGCCG CTGTATTAAC AATTGTCGGT TATTCAATTA ATGATACAAT 240
 50 CGTAACGTTT GACCGTGTAC GTGAAAACCT ACAAAGGTT AAAGTGATTA CGACAACAGA 300
 ACAAATTGAT GATATCGTTA ATAGATCAAT tAGACAGACA ATGACACGTT CAATTAATAC 360
 55 AGTATTAACA GTTATTGTAG TAGTAGTTGC TATACTATTC TTCGGTGCTC CTACGATATT 420

TGCCGTTCCG CTATGGGGAA TAATGAAAAA ACGTCAGTTG AAAAAATCGC CGAAACACAA 540
 ATTAGTTGTA TATAAAgAAA AGAAATCGAA CGATGAAAAG ATTTTAGTTT AAAAtGaATT 600
 5 AAGCGGTAT 609

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 672:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2222 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 672:

CTTAAACAG CAATTGAAC GTTACAAAA TGAACAAATC TTTGTTTATG TTTGTCATGG 60
 20 TAATCACGAT CCTTTATCAT CAAAGATTTT ATCAAACCTGG CCAGATAATG TtnTTGTATT 120
 TTCAAATAAA GTTGAGACGT ATGAAGCAAT TACTAAATCT GGTGAAACAA TTTATATTCA 180
 CGGATTTAGT TATGAAAATA GAGCAAGTTA TGAGAACAAG ATTGATGAAT ATCCATCAAG 240
 25 TCAAGGCCAA AAAGGCATAC ATATTGGTGT CTTCATGGT ACGTATAGTA AATCTTCAGT 300
 TAACGAAAGA TATACCGAGT TCATTTTAGA AGATTTAAAC AGTAAATTGT ATCATTATTG 360
 GGCTTTAGGT CATATACATG AACGTCAACA ATTAAGTGAT ATGCCTGTAA TTAACATTTC 420
 30 AGGTAATATT CAAGGTAGAC ATTTTAATGA GCAaGGTGAA aaAGGTTGCT TATTAATCGm 480
 GGGTGACCAC TTAaaATTAA AGACTAAATT TTATCCTACA CAGTATATTA GATTGAAGA 540
 35 AGCAACTATT GAAACGGATA AGACATCTAA GCAAGGTTTA TACGAGGTCA TTCAAACTT 600
 TAAAGAACAA GTGAGAGAAG AAGGAAAAGC CTTTTATCGT TTAACGCTTG TTATTAATAG 660
 TGAGACATTA ATTTACCTC AAGATTTATT ACAAGTTGAA GAAATGATTA CAGATTATGA 720
 40 AGAAAACGAA AATCAATTTG TATATATTGA TGAGTTAAAA ATACAATATG CACAAAATGA 780
 TGAGTCACCT TTAGTTAATG AATTTTCAGC GGAATTATTA GTCGATCAAA CTGTTTTTGA 840
 TAAAGCGATG TCAGATTTAT ATTTAAATCC AAGGGCATCT AAGTTCCTAG ACGATTATGG 900
 45 AACATTCGAC CATACAGCAT TAGTTAATCG TGCTGAAGAA ATATTAAAAG CTGAAATGAG 960
 AGGTGAACAA AATGATAATT AAATCACTTG AAATTTATGG TTACGGTCAA TTTGTTCAaC 1020
 50 GTAAAATTGa ATTTAATAAA AACyTCaCTG AAA'TTTTGG TGAAAATGAA GCGGGTAAAT 1080
 CGACGATTCA AGCATtCATC CATTCGATAT TATTTGGATT TCCAACATAA AAGTCTAAAG 1140
 AGCCAAGACT AGAACCACGT CTAGGTAAAC AATACGGTGG TAAATTAGTA CTTATTCTTG 1200

TATATTTACC TAATGGTGCT GTGCGTGATG ATGCTTGTTT ACAAAGAGAA CTTAATTATA 1320
 TTTCTAAAAA GACATATCAA GGTATCTTTT CATTTGATGT ACTAGGGCTT CAAGACATTC 1380
 5 ATAGAAATCT AAATGAAAAA CAATTGCAAG ATTATTTAFT ACAAGCmGGG GCTTTAGGAT 1440
 CAACTGAaTT CACGTCAATG CGCGAAGTGA TTAATCGTAA AAaAGATGAA TTATATAAAA 1500
 aATCAGGTAA AAATCCGATC ATTAATCAAC AAATTGAGCA ATTAAAACAA CTAGAAAGTC 1560
 10 AAATTCGTGA AGAAGAAGCA AAGCTAGAAA CATATCATCG CTTAGTAGAT GATCGAGATA 1620
 AATCATCACG TCGATTAGAG AATTTAAAGC ATAATTTAAA TCAATTATCA AAAATGCATG 1680
 AAGAAAAACA AAAAGAGGTT GCTTTACATG ATCATTACAA AGAATGGAAG TCTCTAGAAC 1740
 AACAGTTAAA TATTGAGCCA ATCACATTCC CAGAAAAAGG TGTGGATCGT TACGAAAAAG 1800
 CACGAGCGCA TAAGCAATCG TTAGWAAGAG ATATTGGTTT AAGAAATGAG CGTTTAGCTC 1860
 20 AACTTAAAGA AGAAGCGACT CAATTAGAGC CAGTTAAACA ATCTGATATT GACGCCTTCA 1920
 TTAGTTTGAA TCAACAAGAA AATGAAATTA AAAATAAAGA ATTTGAACTT ACTGCAATCG 1980
 AAAAGGATAT TGCGAATAAA CAACGTGATA AAGATGAATT GCAATCAAAT ATTGGTTGGT 2040
 25 CTGAAACGCA TCATGACGTA GATAGTTCAG AGGCAATGAA AAGTTATGTC AGTGAGCAAA 2100
 TCAAGAATAA ACAAGAACAA GCTGCATACA TTAAACAATT AGAACGTAGT TTAGAAGAAA 2160
 ATAAAAATCGA AGATAATGCG GTTCATAGCG AACTAGATTC TGTTGAAGAA AAATAGTTCC 2220
 30 TG 2222

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 673:

- 35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 406 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

40

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 673:

45 TTGCAGGTAT CATTTTTTTA ATGCCATATG GATTATGTTT TCTACCGTTT TATAAGCAAA 60
 AAAAGAAAAA ACAGACATTT AAAAAATACA TGGTTTACAC TACGATTGGT TTGTCAATTT 120
 GTCTAGGCTT ATCTCTAGTT TTGGTTCACA CTACGAAAAT TTATATGGAC GAAGGTGGCG 180
 50 TAAGATACTA TTACGGTAGT TTTGTAATGA AACAAGCGGG CGGTTATGCT TATTTAGCTT 240
 TAGCGGTACT TTCAACGTTG TTAATTGTTG CGAAAAAGC TACAAATAAA AATAAAGAAA 300
 TCGAAACCGT CGACAATACA AATATAACGG AAAGATAATT AAGGGAGTGC TCATTCAGGA 360

55

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 674:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 927 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 674:

CCACTTTGTG GATTTTCTTT ATATTCTCCA CGCTTGtACT ACAACTTCTT TCGTTTCTGT 60
 TTCATCACCG ACTGCCGCAT TCGTTAGCAC ATGTAATAAC TCTTTTGCGG TTAATACATT 120
 CTCATCTATA ATCTTATCTT TTTGTTCTTG TATATATTGC TTGATGTGCG GCTTTTTCAA 180
 TAACCTACAC GCTGTCACAT GTGCGCTATT TGCGTTATAT CCTGyTTTTA TGGCACTTTG 240
 TGTTACATTC AGTGTTCCTAA TATACTCATT CACAAAACGT GCTTGCTTTG CAGTTAACTC 300
 ACTCATTTTA TCACCCCCAC AATTTTATCT AATATGGTTT CATACCATAA TATTACAGAT 360
 TGTTCTGAAC AATCTAAGGC ACTACTAATA TCTTGATAAC TAAGTCCTTG TATAAGGGAG 420
 TCAAAAATAT AAAACTCTTT ATCGGTCGCT AATCTGTCAA CAATCATTTT TATGTGATTC 480
 TTTATAATAT GATCATTGAC ATTATCGTCT GTCATCAATT CGTCAGAATC TTCATCACCT 540
 ATTA AAAAGA AATCATCAGT ATTTATTTCA TCATCGCCCC GTTAACTAGC TTTGAAGTCT 600
 TTAGCACACT TGCATATACC GGCTGTCGTG CTGGCKAGAT ACTAGCATTG AAGTGGTCTG 660
 ATATTGATTT TGAAAACAAC ACGATTAGTA TTAATAAAAC ATATTACAAT CCAAATAATA 720
 ACAAGAAGAA ATATCAGATA CTTCCCCCTA AACTGAAAG TTCTATCGGT AAGATTTCCG 780
 TTGACCCAAA TGTAATAAAG GtGtTGCgtG ATTATAAGAT AAACGTTCAA AATAATTGGA 840
 AAAACGAATT ATATAATGAT AACCATTGTA ATGAAAAAAC TATCAATGTG GATACAAACC 900
 ATTATGTCAC GTACCAGCAT ACTCAA 927

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 675:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1100 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 675:

GATGTTAAaA TAAGTACATC ATTTTGACTC CCAAATATTG GCTTTAGACC TTGAAATGCT 60

CTCATAATGG CATCAGGTAC cAGGGGTTGG GaCCAGGTGT TAATAACAAC GGTTGATGAT 180
 AATACATTTA TATGCCTCCT ATAAATAAGA TTCTACTATT TTAGCAAATT TTCTGAAAAT 240
 5 TTAAGAGCCT AAAAAgtGAT AACGCTATAT TGTCGAACAA ACGTTATCAC TTAACGATTT 300
 TATTTGGCCT GAATGATGGG ATAGATTTTT ATGTCCACAT TATTTCTTAC AGCATTTGAA 360
 ATCATGCAAT TATTATCTGC AATTGTTATC AATTTTGGTA ATCGCTTTTC TAATTGTGCT 420
 10 ATTTGATCAC TTGGAATTTG AATTTGAGGA TGGTGCACAA TTTTGTGACAT ACTGAATTTT 480
 CCGTTATTTA AACAAGCTGT TCCAATCGAT TGTTGTkCAA TGAAATATC TGTGAACTTT 540
 GCACGTTCAA GAGTAGCTGC TAATGAGATG ATATAACATG ATGAAGCGGC TGATACTAAC 600
 15 ATTTTCATCGG GATTTGTTC TATACCAACA CCACCTAAAG AAGCAGGTAT AGAAATATTC 660
 TCTGAAAGTA TGTCGCCTTG AACGTTTCCG ACATTGTTAC GACCACCTTG CCAAGAAGTT 720
 20 TGGACTTTAA AGTCATGTTG ATGCAATTGC TTAAACCTCC AATATAATTG TGATAGTTTA 780
 ATTTTAGAAT AGTTTATCAA AGTTTAAACAG AAAGGTGACT TATCAATGAC TCTGAATAAA 840
 CTGAAAGATG AATTACAAAT TGTTTCGCAC CGTGGATTGC CGAGTGATTT TCCTGAAAAT 900
 25 ACAATGGTCG GTTATCGAGA GGTAATGGGG CTCAATGTTG CTATGTTAGA AATAGATGTT 960
 CATTTGACCA AAGACCAACA TTTTGTGTG ATACATGaTG AAACAATTGa TAGAACATCG 1020
 GaTGGtArGG GCGGtAwTgC TGaTTACACA TTATCGCAAT TAAATCATT TGATTTTGGT 1080
 30 AGTTATAAAG ATGTTGCTTT 1100

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 676:

35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 460 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

40

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 676:

ATTAATTTCA TATGGAAATA GTTGAACATA CTGCGCTGTA TAAGCTTCAA CAGTTTGATG 60
 45 AATTAACGAT TGATCTTCAA TATATCCGTA GAACAAATCT TCAGTACAAA CTACTTTACC 120
 TTTATCAGGT TTAATTGCAC CTGCCAACAA TTGACCTACC AACGCTTTGG AAGATTCAGG 180
 TTCACCAATT ATACCTAATG CTTCTCCTTG ATAAATATGT AACTAATAT TGTTTAAATC 240
 50 GATATCTTCA GCATCATATC CAAAAGGTAA ATACCATTTT TTATTCTGTT TATTCCTATA 300
 GTAGTGTGTT ACTTTTAGTA ACTTTAAAC AATTGAACTT CCCATCTATT TTCATCCTTC 360

55

CCCCACGCaA AAATACCTTT TAATCTTnCT ACTTTAAAAAT

460

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 677:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1451 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 677:

15	GTCAAGTTTT CGGCTAGATT TTAAACGCTC ATCACTATGT AGAATGAAAC TTTGAAAAA	60
	CTGTAAATCA TCATAACCTT TTACATAAAC ATAACCTTCG CCACCAATTG CTTGAATTAA	120
	ACATTGGGCG GCCATTTGAA TTTCTAAAGA TTGTTTTTCT AGCCTATTAA AGATACCTAT	180
20	TAGTTGTGTG TTTAAGATTT TTGACATCTT TATCCTCCAA TCTACTTATA AAATATTGTA	240
	ATTAATGACT ACATATTATG CAACGGCTTA AATTGTATAA AAATGTATAC GTTTGCATTT	300
	AGTATAACTA TCGCATTTTT CAAAAAATAC ACATTTAATC TGCAGTATTT CAATGCATTG	360
25	ACGCTATTTT TTGATATAA TTTCTTTGAA AAATACGTGC GTAAGCACTC AAGGAGGAAC	420
	TTTCATGCCT TTAGTTTCAA TGAAAGAAAT GTTAATTGAT GCAAAAGAAA ATGGTTATGC	480
30	GGTAGGTCAA TACAATATTA ATAACCTAGA ATTCACTCAA GCAATTTTAG AAGCGTCACA	540
	AGAAGAAAAT GCACCTGTAA TTTTAGGTGT TTCTGAAGGT GCTGCTCGTT ACATGAGCGG	600
	TTTCTACACA ATTGTTAAAA TGGTTGAAGG GTTAATGCAT GACTTAAACA TCACTATTCC	660
35	TGTAGCAATC CATTTAGACC ATGGTTCAAG CTTTGAAAAA TGTAAGAAG CTATCGATGC	720
	TGGTTTCACA TCAGTAATGA TCGATGCTTC ACACAGCCCA TTCGAAGAAA ACGTAGCAAC	780
	AACTAAAAA GTTGTTGAAT ACGCTCATGA AAAAGGTGTT TCTGTAGAAG CTGAATTAGG	840
40	TACTGTTGGT GGACaAGAAG ATGATGTTGT AGCAGACGGC ATCATTTATG CTGATCCTAA	900
	AGAATGTCAA GAACTAGTTG AAAAACTGG TATTGaTGCA TTAGCGCCAc ATLAGGTTCA	960
45	GTTCAATGGTC CATACAAAGG TGAACCAAAA TTAGGATTTA AAGAAATGGA AGAAATCGGT	1020
	TTATCTACAG GTTTACCATT AGTATTACAC GGTGGTACTG GTATCCCGAC TAAAGATATC	1080
	CAAAAAGCAA TTCCATTTGG TACAGCTAAA ATTAACGTAA ACACTGAAAA CCAAAATCGCT	1140
50	TCaGCAAAAG CAGTTCGTGA CGTTTTAAAT AACGACAAAG AAGTTTACGA TCCTCGTAAA	1200
	TACTTAGGAC CTGCACGTGa AGCCATCAAA GAAACmGTTA AAGGtAAAAT TAAAGAGTTC	1260
55	GGTACTTCTA ACCGCGCTAA ATAATTAATA TTTAGTCTTT AAGTTATTAA TAACGTAGGG	1320

AATAAATAAA ACAGTTTGAT TTTAAATGA AAGCGTAAAA ATGGTAAAAT ATATCAAAAT 1440
 TGATTGTGAT A 1451

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 678:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 668 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 678:

nGTATTGAAG CGGTTAAACA AACACCTAAT GCAACTGACG AAGAAAAGCA GGCTGCTGTT 60
 AATCAAATCA ATCAACTTAA AGATCAAGCA ATTAATCAAA TTAATCAAAA CCAAACAAAT 120
 GATCAGGTAG ACACAACCTAC AAATCAAGCG GTAAATGCTA TAGATAATGT TGAAGCTGAA 180
 GTAGTAATTA AAACAAAGGC AATTGCAGAT ATTGAAAAAG CTGTTAAAGA AAAGCAACAG 240
 CAAATTGATA ATAGTCTTGA TTCAACAGAT AATGAGAAAG AAGTTGCTTC ACAAGCATT 300
 GCTAAAGAAA AAGAAAAGC ACTTGCAGCT ATTGACCAAG CTCAAACGAA TAGTCAGGTG 360
 AATCAAGCAG CAACAAATGG TGTATCAGCG ATTAAAATTA TTCAACCTGA AACAAAAGTT 420
 AAACCAGCTG CACGTGAAAA AATCAATCAA AAAGCGAATG AATTACGTGc TAAGATTAAT 480
 CAGGATAAAG AAGCAACAGC AGAAGAAAGA CAAGTAGCAC TAGATAAAAT CAATGAATTT 540
 GTAAATCAAG CCATGACAGA TATTACGAAT AATAGAACAA ATCAACAAGT TGATGATACA 600
 ACAGTCAGCG CTgATAGCtT GCTTTAGTGA CGCCTGACCA TATTGTTAGA GCgCTGCTAG 660
 AGATGCGT 668

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 679:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1906 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 679:

GATCCAAATT TAAAAGGAAA AATAGCCTTt AACGAATTTA CGAAACAAAT TGAATGTTTA 60
 GGGAAAGTGC CATGGAATAC TAATTTTAAG ACACGTCAAT GGCAAGACGG TGATGATAGC 120
 AGTTTAAGAA GTTATATCGA AAAGATTAT GACATACACC ATTCAGGTAA AACAAAAGAT 180

	ATCGTGGGAT GGACATAAAC GCCTTGAAAA GTTATTTATC AAATACTTAG GTGTTGAAGA	300
	CcTGaAGTGA ATAGAACAAC TACCAAAAAA GCATTGACTG CTGGAATCGC TAGAGTAATG	360
5	GAGCCTGGAT GTAAATTGGA CTATATGCTT ACACTTTATG GTCCTCAAGG TGTAGGTAAA	420
	TCTGCTTTGC TAAAAAAATT AGGTGGTGCA TGGTTTCTG ACAGTTTAGT TTCTGTTACA	480
	GGTAAAGAAG CTTATGAGGC CTTACAAGGC GTTTGGCTAA TGGAAATGGC AGAACTTGCA	540
10	GCTACAAGAA AAGCTGAAGT TGAAGCTATT AAGCATTTCA TATCTAAACA AGTTGACCGA	600
	TTTCGTGTTG CTTATGGGCA TTATATTGAA GATTTTCCAA GGCAATGTAT TTTCATTGGT	660
	ACAATAATA AAGTTGATTT CTTAAGAGAT GAACTGGTG GAAGACGTTT TTGGCCAATG	720
15	ACTGTAAATC CAGAGAGAGT TGAAGTGAAC TGGTCTAAAC TAACCAAAGA TGAGATTGAC	780
	CAAATTGGG CAGAAGCTAA AACTATTAT GAACAAGGAG AAGATTTATT CCTTAACCCT	840
20	GAACTAGAAG AAGAAATGCG TTCAATACAA AGCAAACATA CTGAGGAATC TCCATATACA	900
	GGCATTATTG ATGAATATCT TAACACACCm ATTcctAGCa ATTGGGATGA CTTAACTATC	960
	TTTGAACGAA GACGATTTTA TCaAGGTGAT GTTGATATGT TACCaaCAGG AAATGTaGAT	1020
25	TACGTTAAAA GAAATAAAGT CTGTGCGCTT GAAGTGTtTG TTGAATGTTT TGGTAAAGAT	1080
	AAGGGAGATA GTAGAGGATC TATGGAAATT AGAAAGATTT CAAACATCTT AAGACAATTA	1140
	GACAATTGGT CTGTATATGA TGGAATAAAA AGTGGGAAAA TTCGATTTGG AAAAGATTAT	1200
30	GGTGTACAGA TAGCTTATGT AAGAGATGAA AGTTTAGAGG ATTTAATATA AGAAATATTG	1260
	AATAAATATG CATTTTAGAG TGTGTATCA GATGTTGCAT CATTTTTTGA GTGATGCAAC	1320
	ACGGGAGTGT AAAAAGTAAT CGTAGGTGTT GTATCATTTT TGGTGATGCA ACATTGATGC	1380
35	AACAAATGAT ACAACACCTC TTTcCTTTCT AGCTGTAGGG TTCAACCCTG TTTGTTTCCA	1440
	ATGTTGCATC AAATTCACTA TAAAGTTTAA AAAGTAGTGT TAGGGAGTAA AGGGGTATAG	1500
40	GGGTAAACCCT CTAACAGCTA TTTTAAAAG TTTGGCAAGA ATTGATACAA CATCGGAACA	1560
	CAAATATAAA TTTTGATATC AAGGTGAATA AATGAAAGAA TCGACATTAG AAAAATATTT	1620
	AGTGAAAGAG ATAACAAAGC TAAACGGTTT ATGTTTAAAA TGGGTGCGAC CTGGAACAAG	1680
45	AGGTGTGCCA GATAGAATTA TTATTATGCC AGAAGGAAAA ACATATTTTG TAGAAATGAA	1740
	GCAAGAAAAA GGAAAGTTGC ATCCTTTACA AaAATATGTG CATAGACAAT TTGAAAATAG	1800
	AGaTCATAAA GTATATGTGT TATGGAATAA AGAACAAGTA AAfACTTTTA TCAGAwTGGT	1860
50	AGTGAACATT TGGCGATTGA CTTTCAAACC ACATAGCTnT CCAAAG	1906

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 680:

55

(A) LENGTH: 948 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 680:

10	AATTATTTGA ATAAATTAGC AATTAAAGAG TTGATTGTGC AGTTTAAGyA TTTGAGTGCA	60
	TTTGAAAAAG ATGTCATGTA TTTAATGTGT GAACAATATA AGCCGAGAGA AATTGCTCAA	120
	TTGATGCATG TAAAAGAGAA AGTGATTTAT AATGCCATAC AACGATGTrA AAATAAAATA	180
15	AAACGTTATT TCAAAATGAT TTGAAAAGCG CCTTAGGACG TGAATTGAAT TATAACGTGT	240
	TACTTACTGA TGGTTTGACA TTTGTTATAA ATTTTATGTA TAGTATACTG GTATTATAAT	300
	GAATAAAGGT GAATTATTGT GAGAAAAATA CCTTTAAATT GTGAAGCTTG TGGCAATAGA	360
20	AATTATAATG TTCCTAAGCA AGAAGGCTCG GCAACAAGAT TAACCTTAA GAAATATTGT	420
	CCAAAATGTA ACGCGCACAC AATTCATAAA GAATCGAAAT AAATACATT C GAAATAATAC	480
	TTTGATAATA TGTTCAAAGG ATTTGGAGGT TGAGCAGATG GCTAAAAAAG AAAGTTTCTT	540
25	TAAAGGCGTT AAGTCTGAAA TCGAAAAAAC AAGTTGGCCG ACGAAAGAAG AGCTATTTAA	600
	ATATACTGTA ATTGTAGTTT CTA CTGTTAT ATTCTTCTTA GTCTTTTCT ATGCCTTAGA	660
30	TTTAGGAATT ACAGCATTGA AAAATTTATT ATTTGGTTAG AGGAGTGAAG ACATGTCTGA	720
	AGAAGTTGGC GCAAAGCtTG GTATGCAGTG CATA CATATT CTGGATATGA AAATAAAGTT	780
	AAAAAGAATT TAGAAAAAG AGTAGAATCT ATGaATATGA CTGAACAAAT CTTTAGAGTA	840
35	GTCATACCGG AAGGAAGAAG GAAACCTCCA GTAA nAAG nT GGCCAAGCCT AAAACCGCCT	900
	GT TAAAAAAA ACCATTCCCC TGGG nT a nGG TTTTAAGTGG GAATTTAA	948

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 681:

40

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 863 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

45

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 681:

50	ACAnATAATA ACAAAGCGCT TGCTAGTACC TCTTAAAAAG ATGATGCTAG CAAGCGCTTk	60
	TCTATACTAT ATATTATTTT TCTAAAATTT TAACACCCTC TTGAGTGCCT ACAATAACTT	120
	GATCTGCCAT ATCTAAGAAG TATCCTGTCT CAAACACACC TGTCAGATGA ATTAAATACT	180

55

TATCAGTTAT AAATGCGACA TCTTCGTTTA CACGACGTTT TACTTTTATA TCAGCGTATG 300
 ATTCAATTTT ACGTAATATG TGATACCAGT TAAATTTATC CACCTCTACT GGTAACCTAA 360
 5 ACGTCTCACC TAAGTATTGA ACTATTTTCG TTTTCATCGAC AACCACAACA AAACGCGATG 420
 CCATTTTCATC TATAACTTTC TCTCTGAACA GCGCACCACC GCCACCTTTA ATTATATTTA 480
 AAGATGGATC TACTTCATCA GCACCATCAA TTGCTAAGTC GATATGATCA ACATCATTGA 540
 10 TTTCACATAT TTAAATACCT AATTCTTTTG CTAAAAATGC AATTTTATTA GAAGTGCATA 600
 CACCTGTAAT ATTGTAACCA CGTTCCTTTAA TTAGTTGCGC CATTTGAGGT AAGAGTAATT 660
 15 CCATTGTAAT TCCTGTACCA ATTCCCAGCG TCATGTCACC ATTGATTkGA CTTAAAACAT 720
 CATTTAATGT CATTAACTTG AGTGCTTTGA CATCTTTCAT GAAGGTAGCC TCCCATATTT 780
 AtGTAATCTA TTCAATTCAT ATTTTACATG ACTCGTATAA ATTAACATAC CCTTATnGCT 840
 20 AACCATTTGT GTTAAACATA TCG 863

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 682:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 480 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 682:

TTCATTTTTG TTGTTTCAGCA ATTTTGGTCC GAATTTCAAT TCATCAGATG ATAGCTCTAT 60
 .35 TAATTCIGTA GAATATTCTG CtACAACAAT TTCATAAATA TGGCCTTTTT CTTCATTAT 120
 TATTTTCATCa ATTATTTTCAT AATTCAATTG TTGTAATGTT TGTCTTAAAT TTTCAGTTTG 180
 GATATTACTT TGTAAAATCA ACCTTGGATG TTGACTTAAC TTATCTTGCC CATCTTTTAA 240
 40 AATTTTAGCA ATAAGTGGTC CGCCCATACC ACAAATTGTG aTATTATCGA TTACGTCCTC 300
 AGGTTGAATA ACACTTAAGC CATCCCCTAA ACGTACATCA ATTCTATCTA CTAATTGGTT 360
 TGCAGCTACA TTTTTCACAG CAGCTTGAAA AGGGCCTTGA ATAACCTTCTC CAGCAATAcC 420
 45 GaTTCGCATA AATGGTTTTG AATTGCATAG ATTGGCAAAT AAGCATGATC TGAGCCAATA 480

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 683:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 689 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 683:

CTGCAAAAAA TATTGGTATA ATAAGAGGGA ACAGTGTGAA CAAGTTAATA ACTTGTGGAT 60
 5 AACTGGAAAG TTGATAACAA TTTGGAGGAC CAAACGACAT GAAAATCACC ATTTTAGCTG 120
 TAGGGAAACT AAAAGAGAAA TATTGGAAGC AAGCCATAGC AGAATATGAA AAACGTTTAG 180
 GCCCATACAC CAAGATAGAC ATCATAGAAG TTCCAGACGA AAAAGCACCA GAAAATATGA 240
 10 GTGACAAAGA AATTGAGCAA GTAAAAGAA AAGAAGGCCA ACGAATACTA GCCAAAATCa 300
 AACCACAATC CACAGTCATT ACATTAGAAA TACAAGGAAA GATGCTATCT TCCGAAGrTT 360
 gGcCCAAGAA TTGAACCAAC GCATGACCCA AGGGCAAAGC GACTTTGTTT TCGTCATTGG 420
 15 CGGATCAAAC GGCCTGCACA AGGACgTCTT ACAACGCaTA AcTACGCACT ATCATTTCAGC 480
 AAAATGACAT TCCCACATCA AATGATGCGG GTTGTGTAA TTGAACAAGT GTACAGAGCA 540
 20 TTTAAGATTA TGCGAGGAGA GCGTATCAT AAGTAAACT AAAAAATTCT GTATGAGGAG 600
 ATAATAATTT GGaGGGTGTT AAATGGkGGa CaTTAAATCC mCGTTCATTC mATATATAAG 660
 ATATATCACG GTAATTGCGC ATATAACTT 689

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 684:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 858 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 30 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 684:

TTATTAAATT GGTATGTGTT CATTATACAT ATGaCAAATA TGaATGTAAA CCGATAATTT 60
 AGATTTTTTG GAATAACCTG AAAATTCAAG TTaTAGCGTT GCTTATATTT TAAAAGGTGG 120
 40 TGATAATGAG ACTTTTTGAA AAATAAAATT CAAAATACTT ATAGCATAAT CAATATGCAC 180
 ATTAAATAAA TGTACTCTTT TAATGCGTTG ATAAGTGTAT TTGTAATTTA GAGAAGGGGT 240
 GTTCACTATG CTGATGTGTT AAAAAATAAA ATAAAAAGGA CACCTCGATG CTATAAATAT 300
 45 TAGCATCGAG ACGCCCAAGT AATGTCTATT AAATTGAATA TAGTCTCGGA CATGAATCAA 360
 TGCCCTAGGC CCTGCAATGT TATATTGACA GTAGTTGACT GAATGAAAAT GACTTTGTAG 420
 50 CTAGCTTTTT TCAATCCTTG TCGGTGCAAC ACATAGAGAA ATTGGATTCC TAATTTCTAC 480
 AAACAATACA AGTTGCGGAA TAAGTCCCAA TATAGAAGGT GACAGTAAGC CAACTTACAA 540
 TAATGTGCAA GTTGGTCGGG CCTCAATACA GAGATTTTCG AAAAGAAATT CTACATATTA 600

GCCACCTTGT TTATTTAAAT CGATAACACG GTTTGGCATT GTATTGATAA ATTCAAAGTC 720
 ATATGAAGTA AAGATAATAG AACCTTTGAA TGATTTAAGT CCATCATTAA CAGCAGTAAT 780
 5 ACTTTCTAAG TCTAAGGGTT GTGGGTCATC AAGTAAAGA CGTTGCCCTG ATAACATCAT 840
 TTACTAGCAn CACGACTT 858

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 685:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1747 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 685:

20 TTAGTATTTT CAGGnTGGAA ATTGATGTTT GAAATTCACt GAAATGGGCC AGAACCTgAA 60
 ATGaAACTTT ACCAACAATT TGGtCTTCAT CAATGAGGCC AAACGCACGG CTATCTTTAC 120
 TTACTTCACG ATTATCTCCA AGCACTAAAT ATTTACCTTT TGGAA TGACA TTTGATTTAG 180
 25 GATTTCGATT CGGTAAATCT TTAAC TTGGA AAGTCCAGT AATGTAATCA CCTTGTTTTAT 240
 GTTTTAAATT GTAGTTTAA TATGGTTCAT CTGTTTTTTT ACCATTGACA TATAATGTAT 300
 CATTTTTGTA TTCTACTTTA TCACCAGGAA CACCGATGAC ACGTTTAA CA TAGTCATCAT 360
 30 TTTTGTGTTGC ATGGAAGACA ACTACATTAC CTTTTTCCAA ACCACCTGTT TTATATCCAA 420
 CAATGTTTAC AGCTACTCGC TCGCCATCTT TCAAAGTTGG ATCCATTGAT TCACCTTTAA 480
 35 TTGTATATGG CGTAACAATA AATTTACCTA CTATAAATAA AATGACAAAA GCGACTGCAA 540
 TTGAAATAAT CCATTCCAAT ATTTCTTTTT TCAATTTTGA CACCTCTTTT TAAGATTGTA 600
 ACTGAACAGT CCATTTTGAA AAAGGATAGT ATCGTAAACt AACATTACCA ATAATAtCCT 660
 40 TTTTATCGAT TAAACCAAAT TGTCTTGAAT CGTGCTTGtK ATTATCTTGA TCATTTAGCA 720
 CAACAAAATT GTTTGGCGGA ATAATATCAC CATCTAATTC TTTAAAATTG CGCAAACATA 780
 AATCTTTAAT TTTTCTGTTT TTGGCATAAG ATGCGTCAAC CGGTCGGTCA TCACGGTATA 840
 45 ATTGTCCCTG ACGAAACGCC ATTGATTGAC CAGGTTTGGC AATAATTGTA CTAGTATATA 900
 TCTCGTTACC ACGCCTATAT GTAATGATAT CACCATTATT CAATTGATTA AATGTAACCT 960
 50 TAATTTTATT TACAATAACA CGATCCCCTT TGTTAAGGGT TGGTGACATA TCATTATTCTG 1020
 GAATGACATG ACCAACTATT ACAAAGTTT GTACGAACAG TACAATGATA ATAGCAAGTA 1080
 TCAATGAAAT CAAATATTTT ACAACTTTTT TCACGATGTC ACTCCTTTTT CGATCCATA 1140

ATCCCTCTTA AAGGATGCGT TAAAATTGTA GTAATTTTCCT TACCTAAATA ACCTAAAATA 1260
 ATTGTTGAAA CTAACCTTGA TGATGCCAAA ACAATGAAAT AATATTTAGG TCTAATATGA 1320
 5 GATAGACTCG CTACAAAATT TATTAATGTA TTTGGCGTAA AAGGAAAACA AAGTAAAATA 1380
 AACAAATGGGA TTAATCCTTG GCGATCAATA AAATAATCA AGCGTTGAAC AGCAGTACGT 1440
 TGTTTAATTC GCTGCATCCT CTCAGTGTTT ACCAATCGTT TACAGATCAA ATAGACTGTA 1500
 10 AATGTTCCAG AAATTAATCC AAGCCAACTA ATCAATATAC CTAAAATAGG TCCATAAGCT 1560
 TGAATGTAA TTAATAATATA GAGTGCTAAA GGAAATACTG GAATTATAGC TCTAATATAT 1620
 AACAAATATA ATCCAGGTAA ATAACCAAAC TGTCGAAATA TCTCAAACCA TTCTTCTACT 1680
 15 TGATGAAACG ACAAATCATC AATCCCTTTC TTTGGTTGAA GATAATTATT CTTACATTAT 1740
 AAAGTTA 1747

20 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 686:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 645 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 25 (D) TOPOLOGY: linear

30 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 686:

CGTAAAGATT ACTATTTAGG AGGGTGACTA TGAAAAGAA ATTAGGTATG TTACTTCTTG 60
 TACCAGCCGT AACTTTATCA TTAGCCGCAT GTGGGAATGA TGATGGAAA GATAaAGATG 120
 35 GCAAGGTAAC AATTWAAcGa CaGTTaTCCm TTGCAATcAT TTgCAGAGCA AATTGGTGGA 180
 AAACACGTGA AGGTATCATC AATCTATCCA GCAGGGACAG ATTTACATAG CTATGAACCA 240
 ACACAAAAG ATATATTAAG TGCAAGCAAG TCAGACTTGT TTATGTATAC AGGGGATAAT 300
 40 TTAGATCCGG TTGCTAAGAA AGTTGCATCT ACTATCAAAG ATAAAGATAA AAAACTGTCT 360
 TTAGAGGATA AATTAGATAA AGCAAAGCTT TTAAGTATC AACACGAGCA TGGTGAAGAG 420
 CATGAACATG AGGGACATGA TCATGAGAAA GAAGAACATC ATCATCATCA TGGTGGATAT 480
 45 GATCCACACG TATGGTTAGA TCCTAAAATT AACCAAAGCT TCGCTAAAGA AATTAAAGAT 540
 GAATTAGTGA AAAAGATCC AaAACATAAA GATGACTATG AGAaAAACTA CnaAAATTAA 600
 50 ACGACGATCT TAAGAAAATT GATAACGATA TGAAGCAAGT TACAA 645

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 687:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 956 base pairs

55

(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 687:

	TTTGTTACTG	CTTCTAAAAT	AATATCCTTT	AATTGTTTAA	CATGTTGGAT	TGTCATATGA	60
10	GGTGATGGTA	CATTAAAAGG	ATTTAATTCA	TCTATTTGTG	CATATTGATT	TATGACATCT	120
	TGATGCATTG	AAATAGGGTT	GATATCATTT	GTTACTACTT	TATTAGATTG	GTCTTGTGAC	180
	ATACTAATGG	TGCCACCAGT	ATGAATAACA	AGTAGATGTT	TCATATATTT	CCTCCTATAT	240
15	TTAATTTACC	TAATTATGAT	AAAATATTAT	TCATAAAACG	ACAAGGAAGG	GAAATGACGC	300
	ATGAAAGCCA	TTAATATTGC	ATTAGATGGT	CCAGCTGCTG	CCGGA AAAAG	TACAATTGCG	360
	AAACGTGTAG	CCAGCGAACT	ATCAATGATT	TATGTCGATA	CAGGAGCAAT	GTATCGTGCA	420
20	TTAACATACA	AATATTtAAA	ATTAAACAAA	ACTGAGGACT	TTGCAAAACT	AGTTGACCAA	480
	ACAACATTAG	ATTTAACCTA	TAAAGCAGAT	AAAGGTCAAT	GTGTCATTTT	AGATAACGAA	540
	GATGTAACAG	ACTTTTTTAAG	AAATAATGAT	GTGACGCAAC	ATGTTTCATA	CGTTGCATCT	600
25	AAAGAGCCAG	TACGTTTATT	CGCCGTTAAA	AAACAAAAAG	AGTTAGCTGC	AGAAAAAGGT	660
	ATCGTAATGG	ATGGTCGCGA	TATCGGAACT	GTAGTGCTAC	CAGATGCAGA	TTTAAAAGTA	720
30	TATATGATTG	CATCAGTTGA	AGAGCGAGCA	GAAAGAAGAT	ATAAAGATAA	TCAATTAAGA	780
	GGTATCGAAT	CAAATTTTGA	AGATTTAAAA	CGTGATATTG	AAGCTCGTGA	TCAATATGAC	840
	ATGAACCGTG	AAATATCACC	ATTAAGAAAA	GCAGATGATG	CAGTGACATT	AGATACGACm	900
35	GGCmAGTCGA	TTGAAGAAGT	TACTGACGAn	ATTTTAGCGA	TGGTGAGTnc	AATTnA	956

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 688:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

40

(A) LENGTH: 1166 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

45

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 688:

	AAAAGGGAGG	AAAGAGAACA	GTAAATATG	AATACAAAT	AATTTTGT TT	TCGGACAGCA	60
50	GGGGTATTAG	ACGCGATTGA	CAATGTCTGT	TAAATTAAAC	GTAATGTTTA	TTTAAGCGAT	120
	GAATATTAGG	TGAAAAGTTT	TTGAATTGTA	ATGTAATTGA	GGTTTATTGA	TTAGACATTT	180
	TATTGAATTG	CGTGTTATTA	TATAAATGTA	AAAATAAGAC	GACATGCGCG	AACATGTCGT	240

55

TAATGCGGAA TGGTTTTTTT ATTTCCGCT AATTGAAATA AAAATGACGT TTTAATATAT 360
 TATGGGCTAG GTGGTTTGTA AGAAAGGGTT AGTTATTAAT GTTTTATGAA TTAAGGAAAT 420
 5 TTGAGTTTAA GGTTTAATCA ATTGTGATTT TGTGTATGAA GCGTTTAGTT AGAGTATTTT 480
 CGCCACCACT AGTTACTCCT TCTCCCACTT TACCCGAGAC TGGAGAAGAG CTATCTGAAG 540
 AATAAATAGA TACTTTTTGG CCATTTTGTA GTAAACCAAG ACCTTTTAAC TkCTCGGTTA 600
 10 GAGAATTCCA TGTATTTTAA GCATCTAGCT TTTTGTTAA GTCAyCGTAG ACATTTTCCT 660
 TAGTTAAATC AATTTGTTTT AATCCTTTAA AGTCTATAGA TTGTGTTAGA TGGCCTCCAT 720
 CATCATTTCC AGGAGCAGAA ACGCTGCTAG AATATCCATT GCTTAATAAA TAAGTAACGT 780
 15 TGATTGTTTC GTACTCGTTA CTTAAATAA TATCAGAATC ATGTAAgaAT CTTTAACTTT 840
 TTTCCATAAT TGACCATCTG TCATTTTTTC TTCTGCTTTA GCCGTTTTAA CAACTTTATT 900
 20 TGTATCTAAT CCTAAGTATG AAGAATGTAA GCCTGTTCCCT AATGTTGTTA ATACTAAAGC 960
 ACTTGCTACT aATGTTTTAC CTAaaaaatt TGTATTCATT TTTATTGCTC CTTtTTTTAT 1020
 ATTGTAAACG TTTACAATGA AAATATAATA ATAATTTTTT AAAAGAACAA TTAACTAAAT 1080
 25 ATCAAAAATG TATTAACIAT CTATTAACIa AAAAATAGAA TAATTTTTTA ACATAGTTTT 1140
 GTTGTTTTGA ATTATAAAAA CTAAAG 1166

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 689:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1083 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 689:

AGCACTGAAG GATGGCTAGT TGTCATAGCA TATGCGGTCA TTGGTATAGT TATAACGAGC 60
 GTTTCCTTATA TGTTGTCTAT TAAAATTTTT AACAAACAAG AACTAKAATT GTCGATTTTG 120
 GTGATGATAG TATTTGAAAT AATATTTAGA GCAGGTGATA AATCTTTACG ATTGTCATCT 180
 45 GTTCTTTTKG GTGTGGAATG AAATGTGGGG GATAAGTATA GGTGACATAT CTATATTGAT 240
 TTATTTGTTT TGAGGTGGTT ATGTTGTGTG GGAATTATTT CCTTTTAGAT AGCGGGGATT 300
 AGAGGATATA TGTTATTTAT AAGTATCATT TGATGATTGT ATAGGCTAAC GATTTCCTCG 360
 50 GAAATATTTA AAAACCTCGA TCATGTAGCA TAACTGAAGT TTGTCACAAA AGTATAATGT 420
 GAAGTTCGAC ACTTTTGGaT TCAGTTCAAA TACTTTGACC GAGGTAAATA CTATTTATTC 480

TGATACTGAG ATAATCATTa CATGGTCGTG ACCTTTAAAT AAAAGGCTGA CAATATAAGA 600
 CATAACGAGT ATACCTAGTG AATATGAAAT ATACTTCGCG TTTGTCAGTT CATTATGGAA 660
 5 ATAAGGCGTG ATTAACCATA ATCCAATATA GAATATTAAA ACACTGATAT ACATCATATT 720
 AATTTCAAAC AAGTCATTa GTTTATTGTT ATTACTAAAA ACAATTGCAG CATTAAATCAC 780
 ACCTAAAGCG ATATTGATTa ATAGATGCGT ATACGATAAA CGGAAACCGA TAGATGTTAA 840
 10 TTTATGATTa ATATAATTTT CAGTAATGAT CCAATATACA CCGAAAAGAC TAATTAAAAAT 900
 CATAAATTGG AATATATAAA TGTAACATAA ATGATCAATG CTAAATGATG ACGAAGCTAA 960
 ACCAACCAGT ACCTCGCCa AGWTATAATT GTTAGTAACG AAAAACGTCT ACTAAATGCA 1020
 15 TCATATTAAC AGGTnTAATA CAAGTATTTT TGAAATGGAA TAAGnCTGTC GCTGCATGAT 1080
 ACG 1083

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 690:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 627 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 25 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 690:

30 TTAATCATCT GGATGTATTT AGTATTnAGA ATAATAAnAA AACGATCATG TTGTATtTGA 60
 GTAGCGATTG GTTTGCGGAA TTAGGCTTTA CTTTCTTTAA TTACCACTAT ACAGCAAAGT 120
 35 TGATTAAATC ATCCTATAAT TTGAAATGTC TACTATTAAA ATTGACATAT CGATACCTTG 180
 ATAATCAGCC TCCTAATGAC GCTGATaYTA GAAAAATTACA GGATATTATT AAAATCATTG 240
 CAAAAGAAGC AAGTATGGAT AAAAAGATTG CACAAAATCA ATATCGATAT GCGTATTATG 300
 40 GTGATTTGCG TGATGAGCTC GAATATATTT ATCAAAATGT AAATCAACGA TTGACATTAA 360
 AAAGTGTGCG TGATAAATTA TTTGTCTCAA AGTCAAATTT GTCATCACAA TTCCAATTAC 420
 TTATGGGCAT GGGTTTTAAA AAATATATTG ATACTTTGAA AATnGGTAAA TCGATTGAAA 480
 45 TTCTACTTAC TACTGATAGT ACTATTAGCA ACATAAGTGA nCATTTAGGT TTTAGTAGTA 540
 GCTCCACTTA CTCTAAAATG TTTAAAAGTT ATATGGATAT CACACCGAAT GAATATCGTA 600
 50 ATTTATCAAA ATATAATAAn TGTTTAC 627

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 691:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 641 base pairs

(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 691:

	TTGAACGTAA TGCTAGCAAA TGACTTTGTG CCATAAAATA TTCTTCCCAT TTGATTCTTT	60
10	CCAAGATGTT CACCTTCCAT ACTTAAAATT TAGTAACATT TTCTAATAAT ATAAGATTAA	120
	TCACAAAAAA TAAAATTTGC AATTAAAATA ATCCATTATG TCGTGAAATA AGATTTCAGT	180
	TTATCAAAAG TTTTACTTCC AAAACCTTTT ACTTTTTTCA AATCGTCAAT TTCTTGAAAT	240
15	GCACCTTGTT GGTGCGATA TTCAACAATT GCATTAGCTT TAGCTTGCCC AACTCCAGGA	300
	ACAGACATCA ATTCTGATAC AGATGCCGTA TTTAAATTGA CTTTAGTATT ATTTGTGTTT	360
	CCaTTTTTTT CGTGCACACT GTTTACTTCA ATTTGTGGTT CAACATTCTT TTGTCCTTTA	420
20	TGAGGTATGA AAATCATTTT TTGATCTGTT AATTTTTTCAG ACAAATTAAT TTGACTTACA	480
	TCTGCATCCT CCAATAATTG TGCTTTATCA AGTAAATCAA CTACTCTATC CTTAGATGTC	540
	ATTTTATAAA CATTAGGATG TTTAACAGCA CCTTTTACAT CGACATATAC AGGACCCTTA	600
25	TTTTTGGAAT TATCTCCATC TTTGACCTGG ACATCTTCTA C	641

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 692:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 631 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

30

35

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 692:

TATTAAAGnA CTTGATGAAC CAAATCATAA AAAGChATAT ATGTTATTG CAGCTGGCAT	60
TGTGTTnGCA ACTATTTTAC TTATTTTCGGC ACATTTTATC AGCAGAAAGA GAGGTAACCA	120
AGTTTGAGAA TCATAAAGTA TTTAACCATT TTAGTGATAA GCGTCGTTAT CTTAACCAGC	180
TGTCAATCTT CCAGTTCTCA AGAATCAACT AAATCCGGCG AATTCAGAAT CGTACCAACA	240
ACTGTTGCAT TGACAATGAC ATTGGACAAA TTGGATTTAC CAATTGTCGG CAAACCCACG	300
TCATATAAGA CATTGCCTAA TCGTTATAAA GATGTACCGG AAATTGGTCA ACCAATGGAG	360
CCGAATGTTG AAGCTGTTAA AAAGTTAAAA CCAACACATG TTTTGAGTGT GTCAACGATT	420
AAAGATGAAA TGCAACCATT TTACAAACAA TTAAATATGA AAGGCTACTT TTATGATTTT	480
ATAGTTTAA AAGGGATGCA AAAGTCGATT ACACAATTAG GTGatCAATT TAATCGTAAA	540

55

GCAGCTAAAC AAAAGAAACA TCCCAAAGTA T

631

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 693:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1111 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 693:

15	AATTTAACTA TGTTTTCCAC ATTGTTTCAT GTCACGAAAA GGACAACGCG CGACTATAAG	60
	TATCAACTAT TTCCACAAGT TTTATTGGTG TTTTATTAT TCATCGATAC GCTTCATTTT	120
	CATCTCTCCA ACACAAAAAA GAAGCTAAGC AACTTATGTT GCCTAACTCC TCTATACTAT	180
20	CCATATTTTA CTATTATCCA TATTTTCATTG AATTATCTAA TGTTGGCTTC TATTTTTTCA	240
	ATATTTCTAC CGTCAATGAC GTCACATG CGATTTGTTT GTAATTTTTT ATTAAGTTCA	300
	AACGTATAAT AGCCGCCATC TTTCAATTATC ACTTTTATCT TACTATCTTT AGGAACTTT	360
25	TTATACAGAT CAAAATTTTG AATTAAATAC TGTCTCAATT TAAAGTCGAG TTCTTTAAGT	420
	GAAATCTCTT CTTTATAAAT GTAGTGTACT CTACCGTACG TAGCAATACC GTCACCTTCA	480
	TCTCTCTTGA TTTGAAATCT TGGTGCGTTT ATATAATCAT AATAAGCGTC TTGATTTTTC	540
30	TTAGTGACAC CACCATATGA AAACACTGTG CCATTACGGT TTTCCGCTTC TTTAACAACA	600
	AATATGTCTA ATCCCGGATT TTTACGTGCT TTAAATCTTT CAATATCTTT ACCAAATATC	660
35	TGTACTCTTG TGAATTTTCT ATTTTATCA AAGATAAGGT AATGCTTGCC ACCTTTGCTA	720
	TAACGATAAC CAGTAACATT TTTAAGTTCC TTACTTGCGC CACTATAGTA ATCTCTTAAG	780
	TCAAAGATAT CTTTGTGCAC ATTTTCATAT TTTGCTTTAT GTTCACTCGC ATTTACAGTT	840
40	TGATGCAATG ACGTTATTGT TCCTGTTGCT AAAATACCTA ATGCTAAACT TGCTTTCGCA	900
	ATTGCTGTCA TTTTCATAGT TGTATGCTCC ATTCGTAATT ATTAGATTG TTCGCTTACG	960
	TCTATTGAAT CATAAGCTT TATTATAGTT AGCGTATTTG ACCTTTCACA TTAAACCATG	1020
45	TTTAATAATC ATTGAATCAT TATTAAGTAA ATTAAGGATC TATAATGTTC GTTAAATAAA	1080
	CTGAnCCCCGT TGTGCTTCAC ACCCGnTnGA T	1111

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 694:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 426 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 694:

5 TTATGGATGG ATTAAGAGGT CGTGTGAAA AAATCAACGA TAACTCTGTT ATTGTTGACT 60
 TAACAATTAT GGAAAATTTT AATGACCTTG ATTTACCGGA AAAAACTGTT ATCAATCATA 120
 AACGATATAA GATTGTTGAA TAAGAAGGTA AGTTATAATG AATAAAATCT CGAAGGCTTT 180
 10 AACTTGGTTT ATTATAAGTT TCATTATATT TCATCTCATA TTATTTATTA TGTGGGGCGA 240
 ACACCAAGAA TACTGGTATT TATATACAGG TATAATGCTA ATTGCTGGTA TCAGTTATGT 300
 ATTTTATCAA AGAGATATTG AATCTAAGCG GTTGCTTACA TCAATTGGTG TTGGTATTAT 360
 15 TACGGCAATT ATTTTAATTA TGCTCAACT TTTATKCTCA CTTATAACTT CTAATTTAAG 420
 TTATAG 426

20 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 695:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 737 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 25 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 695:

30 AAAAGGGGnG TAAGGTTTAG CTCAAGTACG AGAAGTCTTT GGTGATGAAG CAATTGATGA 60
 AAATGGTGAG ATGAATCGTC GTTATATGGG TGATCTAGTG TTTAATCATC CAGAAAAACG 120
 35 CTTAGAATTA AATGCTATCA TACATCCTAT CGTGCGAGAT ATTATGGAAG AAGAAAAGCA 180
 AGAATATTTA AAACAAGGAT ATAATGTAAT CATGGATATT CCATTATTAT TTGAAAATGA 240
 ATTGAAAAT GCAGTAGACG AaGTGTGGGT TGTATACACT TCTGAAAGTA TACAAATGGA 300
 40 TCGTTTAATG CAACGTAATA ATTTGTCATT AGAAGATGCG AAAGCACGTG TCTATAGCCA 360
 AATTTCTATT GATAAAAAA GCCGAATGGC CGATCATGTT ATCGATAATT TAGGGGATAA 420
 ACTTGAATTA AAACAAAACC TTGAGAGATT GTTAGAAGAA GAAGGTTATA TTGAAAaGCC 480
 45 GAATTACGGA GAAGAAGATT AATATTACAC TATAATAAG TCATTACTTT ACGTACGCGT 540
 TGATGTATGT AAGTAATGAC TATTTTTTAT AAAAAAGATA AATAAATCAA CGGAAAACGC 600
 TTTCAAATTT CATATAATAT GCTATACTAA TTCCATAAAG TATAACACAT AAAGATCAAG 660
 50 GGGTGCTTTT AATGTCAACG AATATTGCAA TTAATGGTAT GGGTAGAATT GGAAGAATGG 720
 TATTACGTAT TGCATTA 737

55

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 432 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 696:

AACGATAAGA ACAAAGATA TATTACAAAG CGTTTATTTA AAACGTTATT TATTACGCGC 60
 GATGATGGCA GGATTTATTA TCGGGATTAT TACGGTCTTC GTATTATCAG TTAAAGCAAC 120
 ACACGAACCA GATTTACCGC CAGgCATTGT GAATATGGCC AGTGCCATTA CATTGAGCTT 180
 TCGGTTAGTA CTCATTTTAT TTACAACTC CGAACTACTA ACCAGTAACT TCATGTACTT 240
 TACTGTAGGC CTGTATTmTA AAGTAATTAA ACCAACTAGA GTATTGgAAA TATTTTATT 300
 ATGCTTTGCA GGAAATATTT TAGGTGCTGC TATTTyATTT AGTTTCATGC GTTTTTCAAA 360
 TGTAATGACG CCAGATAwGt TAAAyCAGTT ATCAGCAGTT ATAGAGCATA AAACGTTGTC 420
 TACTGGTTTT GT 432

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 697:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 782 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 697:

CTTTTATACG AAAGTTAAaA TCAAATATAA CATTAAATGTT TGATGGGGAT TTTGCGGGTA 60
 GTGAmGCAAC ACTTAAACA GGTCAAAATT TGTTACAGCA AGGGCTAAAT GTATTGTGTA 120
 TACAATTGCC ATCAGGCATG GATCCGGATG AATACATTGG TAAGTATGGC AACGATGCAT 180
 TTACTGCTTT TGTAaaaaAT GACAAAAAGT CATTTGCACA TTATAAAGTG AGTATATTAA 240
 AAGATGAAAT TGCACATAAT GACCTTTCAT ATGAACGTTA TTTGAAAGAA CTAAGTCATG 300
 ATATTTTCGCT TATGAAATCA TCGATTTTGC AACAAAAGGC TTTAAATGAT GTTGCAACCAT 360
 TTTTCAATGT TAGTCCTGAG CAATTAGCTA ACGAAATACA ATTCAATCAA GCACCAGCCA 420
 ATTATTATCC AGAAGATGAG TATGGCGGTT ACATTGAACC TGAGCCAATT GGTATGGCAC 480
 AATTTGACAA TTTGAGCCGT CAAGAAAAAG CGGACnAGCA TTTTAAAAC ATTAAATGAG 540
 AGATAAAGAT ACATTTTTTAA ATTATTATGA AAGTGTGAT AAGGATAAET TCACAAATCA 600

TATCAGTGAT GCTGTGCAGT ATGTAAATTC AAATGAGTTG AGAGAAACAC TAATTAGCTT 720
 AGAACAAATAT AATTTGAATG ACGAACCATA TGAAAATGAA ATTGATGATT ATGTCAATGT 780
 5 TA 782

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 698:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 714 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 698:

AAATCATTGG CAAAATATAC GAATTGCATT TAAATCGTCA ATTTACATAT ATTTTTCGCT 60
 20 AGTAATCAAT CGTTATCATT GTTATTTATC GTTACATTAT TTCGAGTATC AGTATGTATT 120
 TCGGGCTTCG TTTGATAACG ACATTTCTTT GTGACATCGC TTCATCAGTG TAACAACAAA 180
 TACAATGATT TCGTGATGTT AGTTACCCAT TTTATGTGTT GCATAAAATA TGTGTGTATA 240
 25 AAACATTTTA AATCATTTTA TATAAACAAT CTATATATTT TTGGCATTTC CAAAATATCA 300
 CTTGTTATAT TAAAAACCGA CAAGACATTT TATCTTATCG GTTGAAATTT GTTATTGTTA 360
 TTTGTAATGT TTTTAGGTTT CTTTTTAATA TAATATATTT CAGTGAAAAT ACATGATTGA 420
 30 TTGTGATTTT ACTGAAACAT GGTAAATTGC GTTGTGTGATG AATAACTTTA GCATAAATAT 480
 AGGAAGTTAT TTTGTACATC GCCATATATA GAAACGAAAT TATAATGACA GCTAGTACGT 540
 AACTTGTTAA AAATATATGA TGGTTATTAA TACCTATCAT ATTTAGTAAC GTATATACAA 600
 35 TGTTACTAGA AATTAATGTG TGAATCAGTG CTACTGTTAT TGGTATtCGG AACAAGAAAG 660
 TCATTTGATT TCGTGTTATC TTTGCTATTC TTCCATTATC TAAACCAAGT TTTT 714

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 699:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 361 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 699:

ACTGAGAGCA ATAATTTAGT AACTTCTACT CAAGGAATTA TTAAAGAAGC ATTGCATAAA 60
 TTGGGATTTG nntTTAATTA AAGAACCCTT AAGAATGTTA CAAGTGCGTA TCCCTGTACG 120

TGGACCAACA AAAGGGGGCG TCGTTTCCA CCCAGATGTT GATGAAGAAG AAGTAAAAGC 240
 ATTATCAATG TGGATGACTT TGAAATGTGG CATTGTGAAA CTTACCATAC GGTGGTGGTT 300
 5 AAGGGTGGTG ATCGTTTGTG GATCCACGTC AAAnGAGCAT TCCATGAAGT TGGAACGTTT 360
 A 361

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 700:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 943 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 700:

GTCCTTAATT GGTATCCACC TTTAGCACCG CGTACACTTC GAATTAACCC CGCATTTCCTT 60
 AAAGGACCTA CAAGCTGTTC TAAATATAAA TCACTCAAAT TATTTTCTTC AGCAATTGAC 120
 TTTAATGATA TACATCCTTG CCCCTCTTTT TTAGCAAGAG AAATCATCAA TGTAAGTCCA 180
 25 TATCTCCCTT TAGTAGAAAT TTTCAATTGA TAACCTCACT TAATTCGAAT ATTGATATTC 240
 CCATTTTAGC ATTTTTTGAG TTAAGATAGT ATAAGAAAGG TGTGACAAAT GTGAGTACAG 300
 AACCATTAGC ATCGAGAATG CGCCCAAAAA ATATAGATGA AATCATTTCC CAACAACATT 360
 30 TAGTTGGACC AAGAGGCATT ATCAGAAGAA TGGTTGATAC AAAAAAATTA ACTTCAATGA 420
 TTTTTTATGG TCCACCTGGT ATAGGCAAAA CAAGTATTGC CAAAGCAATT TCGGGCAGTA 480
 CGCAATATAA ATTCAGACAA TTGAATGCTG TAACTAACAC TAAAAAAGAT ATGCAACTTG 540
 35 TTGTTGAAGA AGCTAAAATG TCTGGTCAAG TTATCTTGTT ATTAGATGAA ATACATCGAC 600
 TAGATAAAGC TAAACAAGAC TTTTATTAC CTCATTTAGA AAATGGCAAA ATCGTCTTGA 660
 TCGGTGCTAC AACTTCAAAT CCTTATCATG CTATCAATCC AGCGATTCGT TCAAGAGCGC 720
 40 AAATTTYCGA GTTATATCCT TTAAATGACG AaGATGTGCG CCAAGCGTTA ACTCGTGCAA 780
 TAGAAGATGA TGAGAATGGT TTGAAAmCAT ATCaACCCAA AATTGATGAA GATGCCATGA 840
 45 CCTACTTTTC TACACAAAGC CAAGGTGATG TTCGTAGTGC GTTAAATGCA TTGGAATTAG 900
 CTGTATTAAG CGCAGATAAT GACAAAGACG GTTATCGACA TGT 943

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 701:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 445 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 701:

5 CATTAAAGTGA AGTTGTTGAT ACACCCATGC ATCAAGTCAA TTGTTCTGTT GATTTAGATA 60
 CAGAAAGCTT ATTAGGCTTT AAAACAATTA AAACAAATGC GGAAGGTCAA CAAGAAATTG 120
 TCTTTGTAGA TGGTCCAGTT ATTAAAGCTA TGAAAGAGGG GCATATTTTA TATATTGATG 180
 10 AAATAAATAT GGCTAAACCT GAAACATTGC CTGTATTAAA TGGGGTCTTA GATTATCGTC 240
 GTCAAATTAC GAATCCATAC ACTGGTGAAG TAATCAAAGC TGTACCAGGA TTTAACGTTA 300
 TAGCAGCGAT AAATGAAGGT TATGTTGGTA CTTTGCCAAT GAATGAAGCA CTAAAAAaT 360
 15 CGCTTGTGTTG TtATTCACGT kGATTATaTT GATGGGGaCA TTTAAAAAAT GTGAnTAAGG 420
 AGCAAGGTTT ATTACAAGAT GTTAA 445

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 702:

20 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 752 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 25 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 702:

30 TGCAAGATAA ACAAATTTGT CATTGTTTTG GTTGTAAGAA AGGTGGCAAT GTTTTTCAAT 60
 TTAATGTTGC TGATAGATATT GAGGCAACAC AATCTAACTC AAATGTTCAA ATTGCTTCKG 180
 35 A_yGATTTTACA AATGATTGAA ATGCATGAGT TAATACAAGA ATTTTATTAT TACGCTTTAA 240
 CAAAGACAGT CGAAGGCGAA CAAGCATTAA CGTACTTACA AGAACGTGGT TTTACAGATG 300
 CGCTTATTAA AGAGCGAGGC ATTGGCTTTG CACCCGATAG CTCACATTTT TGTCATGATT 360
 40 TTCTTCAAAA AAAGGGTTAC GATATTGAAT TAGCATATGA AGCCGGATTA TTATCACGTA 420
 ACGAAGAAAA TTTCAGTTAT TACGATAGAT TTCGAAATCG TATTATGTTT CCTTTGAAAA 480
 ATGCGCAAGG AAGAATTGTT GGATATTGAG GTCGAACATA TACCGGTCAA GAACCAAAAT 540
 45 ACTTAAATAG TCCTGAAACA CCTATCTTTC AAAAAAGAAA GTTGTTATAC AACTTAGATA 600
 AAGCGCGTAA ATCAATTAGA AAATTAGATG AAATCGTaTT ACTAGAAGGT TTTATGGATG 660
 TTATAAAATC TGATACTGCT GGCTTGAAAA ACCTTGTTGC AACAATGGGT ACACAGTTGT 720
 50 CAGATGAACA TATTACTTTT ATACGAAAGT TA 752

55

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 830 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 703:

10	nCGTTTTTGT nAAACnGCTT ATATGTATAA CTTTTCCCAA TTTATCATAA GTTTTGATAG	60
	AAGGAGTTGG ATCGCTAAAG AAAATATCTC TAAAGATATC ATCTTCAATG ATAGGAATAT	120
15	TATGTCtTTC GcLATAAGTA ATTATATTTT TCTTTTGCTC ATTCGTTAAA GAACGACCTG	180
	TCGGGTTATT AAACCTAGGT TCTATATAAA TCGCTTTATT TTTAAAATTA ATAAATCTAT	240
	CAATGATGGT ATCAATTTCA TTAATTTGAT TATAAGGAAC ATCAATATGT CTAAAATTCA	300
20	ATTGCTCAAA AACATTTGTA GAGTGAATAT ATGATGGTGT ATTCGAAATT ATTATGGCAT	360
	CTTGACCTAA AAACCCAATA GATAAAAGTT GAATGGCATG TAAAGCGCCT GAAGTGATCA	420
	TTACATTTTC TCTACCTACA TTTATACCTT GCTTTGACAT TCGTTCAACG ATAATATCTC	480
25	TTAACTTGAT ATAACCATAG CCATTATTAT AACCAAAAGA TAAGTCTTCA ATATGACTGG	540
	CTGTATTAGA CATGGCTTTT TTCAATTGAA TATGTGGCAT TAACGATATA CCCAATTCAC	600
	CTTTACTTAT ATGTATATAC GAATCATCTG TCTCAATTTT ATTAATTAAT TGCACCGTAT	660
30	ACTGACTTCT TTGTTGAGAG GACCATAACA TCATTTGAGA CCACTTATTT GTAATATGTG	720
	CTTCATTCAA ATAGTCATTA ACATATGKTC CACTACCTAC TTTAGTATAG ATAAATCCTT	780
	CAGCTTCTAA TAACTCAATA CTTTTAATAA TCGTTACTCT ATTTACGTTG	830

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 704:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 659 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 704:

45	AGTGGTGTG GAAAAGCTAT TATGAAATTA TTACGTGAAC AACAACTTTA ATAAAAAAG	60
	AGGGGTCAAA TATGAAAGGA TTAATTATTA TTGGCAGTGC ACAAGTGAAT TCACATACAA	120
50	GTGCACTAGC AAGATACTTA ACTGAGCATT TTA AACACA TGATATTGAA GCGGAAATAT	180
	TCGATTTAGC AGAAAAACCG TTAAATCAAT TAGATTTTTC AGGAACAACA CCGTCTATTG	240

TATTAGGAAC GCCAACTAT CATGGTTCAT ATTCTGGAAT ATTGAAAAAT GCATTAGATC 360
 ATCTAAATAT GGATTATTTT AAAATGAAAC CTGTAGGCTT AATAGGAAAT AGTGGTGGTA 420
 5 TTGTTAGTTC AGAGCCATTG TCACATTTAA GAGTAATCGT CAGAAGTTTA CTAGGCATTG 480
 CTGTACCAAC TCAAATAGCA ACACATGATT CTGATTTTGC TAAAAATGAA GATGGTTCAT 540
 ATTACTTAAA TGATAGTGAA TTCCAATTAC GAGCAAGATT ATTTGTGCGAT CAAATTGTAT 600
 10 CTTTGTGAA TAATAGTCCA TATGAACATT TAAAATAATA TTAAnAAATA TGTAAATnT 659

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 705:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 400 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 705:

ncaccatata gtaactggca ccaactacat tacCGTCTTT TAAAAGATT TTTTATAGT 60
 25 TATTATCAAC ACTATTAAAT ATTTCAATAC CTTTAATTTC TGCATTTTCT ACAATTGAC 120
 CAGCACTATA CAAGTCACAC CCAGAACTT TTAATGACGT AAATGTTGTT GATCCCTTGT 180
 ATCCGTTTCGT TTCTTTATTT GTTAAATGAT CAGCTAATAC TTTACCTTGT TCATATAGTG 240
 30 GTGCAACGAG TCCATAAACT TTGCCGTTAT GTCTGCACAT TCACCAACTG CATATACATT 300
 GCTATCACTT GTTTGCATCA CATCATGAC AACAAATACCA CGATTACATC TAGACCTGAT 360
 CTTGGCACTC CTGGGAAGGC GGAACCACTG CATACTACTA 400

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 706:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 380 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 706:

TTAAAAATAC AGCTACAGGT AATTTTAATG ATTTTTCATC AATATCAAAT TTGGGATTAT 60
 GGTGTGGCGC TGTAATACCT TTAACCACTC AGAAAGAATG CACCTGGTCG TACTTTCAAA 120
 50 TAATGTGAAA AATCTTCTCC AATCATCATT AAATCTGATT CATTAAAGCG TACATGTAAG 180
 TCATTGTGTG CTCTTTAAT AACTTGGATA TGCTTTCTCG TTTATTATGG ACAGGCAAAT 240

GCTTAATCCA TTTTGTCCAT ACATGATTCT GTATATCTGA AATCGAAAGT TCTnACTGTA 360
 CCTTTACAAA ATGCCTTGnn 380

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 707:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 400 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 707:

CA_nAAAGGAT CAAAGTGATC GGTATAGTGA TAATTAGCTC CAAAGAAAGA ATATTCTAAA 60
 TCAAATCCAT ACCAAGCAGA AAGTATTAGC GAATATCAAT TTAAATGGTA CCGATTCAAA 120
 TAAAGAAACA CGACATATAG AATTTTTTACT TGATGATTTT AGTGAATCAT ATGAACCAGG 180
 AGATTGTATA GTAGCATTAC CGCAAACGA CCCTGAATTG GTTGAAAAAC TAATATCCAT 240
 GTTAGGTTGG GATCCGCAAT CTCCGGTGCC AATTAATGAT CATGGTGATA CAGTTCCTAT 300
 TGTGAAGCA CTAACATCAC ATTTTGAATT TACTAAATTA ACATTGCCAT TATTGAAAAA 360
 TGCAGATATC TATTTTGACA ATGAAGAATT ATCTGAnCGT 400

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 708:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 447 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 708:

TAATGCTGGT ACGGGTCATG CAGCATTATG TGAGTTGAAC TACACAGTTT TACAACCTGA 60
 TGGTTCTATC GACATCGAAA AAGCGAAAGT GATTAACGAA GAGTTTGAGA TTTCAAACA 120
 ATTCTGGGGT CACTTAGTGA AAAGCGGTAG CATCGAGAAC CCAAGAGAAT TTATCAATCC 180
 ATTACCACAC ATCAGTTATG TTAGAGGTAA AAACAATGTT AAATTCTTAA AAGATCGTTA 240
 CGAAGCGATG AAAGCTTTCC CTATGTTTGA TAATATCGAA TATACTGAAG ACATCGAAGT 300
 AATGAAAAAA TGGATTCCAT TGATGATGAA AGGCCGTGAA GATAACCCTG GTATCATGGC 360
 GGCAAGTAAA ATTGACGA₂G GTmCAGATG₁ AAmCTyCGGT GAATTAACAC GTAAAATGGC 420
 TAAAAGCATT GAAGCACATC CAAATGC 447

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1448 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 709:

10 GTGCTACCT GTTTTGTG TTCAATTGTT AACTTTTCTT TTTGAATAGT AGTATTCGAT 60
 AATTCTTTAT CGCTTATAAA ATCATCTAGT GGATGGCTTT CTTTGAAACT TTTATTTTCA 120
 15 GTCATCAATC ATCTCTCCAA TAGTTGCTAT TTTACATCAA TCTTGATGAT GTTTTTGATG 180
 TAACCTATTT AATTCCATTT CAATATCTAA ACGTTCATAA TCATCTTCGT TGAGACGCTT 240
 TAAATCAGCG ATTAATGTTC GTTTGACCTC ATCCAAAGTA ATTCGTGTTT GTTCTAACTT 300
 20 TTGCTGTTC TTAATTGATT TTTTGGGCAT TTTTGCTAGA CGTGTATATG CATCAACCAA 360
 ATTTAAAGCA TTATCAATAT GAGAATAAAA AAAGCCTTCA ACTTTATAAA ATGATGCAGG 420
 TCTCTGTCTA ACTGTCGTAT AAATAGAACG TGAAATTTGG TATATATCAT TAATCTGCCT 480
 25 AAAATCTTTA ATTGATCTTA TATTGACATA CGTTTTTAAA ATACCTCTAA GTTTTTGGTG 540
 TGTATGATTT AACTGATTTT GAATATAGCG ATAGTCTTTT CTAGTCAAAC CAATTTTCGTT 600
 TAAATATTTG CGTGAAGTGA GTTTTGTAT CGGTAGGTAT GTCATTAAAA AGCCAACAAT 660
 30 ACCAATAGAC ATATCAATTA AAAAAGATAC ATCAAGTGCA ATCATCCCAA ATATGCTTGT 720
 TAAAAACGCT ACAGGAATTC CCACTAACAC CCCAAATATA TGAGAAATAT TATATCTCAC 780
 TGTCATCTTC CTTTATTTAG CATTTTATAT TGATCGAAAA TCCGATAATT TTTGATTTAG 840
 35 TTCTAACTCT TCAAGTTGAT GGCTTGTTAC ATTTGATGCT GGTGAGGCAC CTTCAATTAC 900
 ACCTTGAATA AATCTCTCTA TATCTGCGTC ATCCCCTTGT GCATATATCT CTACATAGTC 960
 40 ATCTACATTT TGAACAGTAC CGACAATGTT ATAGTTCATT GCAATGCGTT GTGTAAAATA 1020
 TCTAAATCCG ACGCCTTGAA CGCGTCCGAA TACTTGTAAT TGTATATGtC TCaTTTTTAC 1080
 CACCTCATAA TGTTATTATA CGTAGTTTTA CTTAAAAAAA CTAATAATTA CTATAGTTAC 1140
 45 TACTTTGTTT GTTCAAGTC GTCAAACCTG ATTTTCAGAG GATAAAGGTA TAAAAATAAG 1200
 TATAGAGTTT TTGAAGTATG GAAGGGGTCT TTAATAATGT GGACAGTTAC CAAAATTAGA 1260
 GCCGATTATG AGGGATGGTG GTTATTCAGT GACTGGCCAG AAAACATTGT TGAAAAATAT 1320
 50 CAATATCAAG ATTTTGATGA CATGTTTAAG CACTATCAAC AATTGATTAA TCAATGTAAA 1380
 GTTCAGTTCG ATAACATATGT CACAGGCAAA TATAATATTT ATGCATTTTA TAATAATTGT 1440

55

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 710:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 519 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 710:

GCTGnAAAAT ATGTTAGAAG CAGATGCATG GGCAAAGCTG GGGTCCTTAT TTATTGTCAG 60
 GTAAAGATGT CTTCAATTCA ACTATTGGAA TATATGGTAT GGGAGATATT GGTAAGACTT 120
 TTGCAAGAAG GTTGCAAGGG TTTAATACTA ATATTCTTTA TCATAATCGA TCAAGACATA 180
 AAGATGCAGA GGCGGACTTT AATGCAACAT ATGTTTCTTT TGAAACGTTG TTAGCAGAAA 240
 GTGATTTTAT CATCTGTACA GCGCCACTTA CAAAGAAAC ACATCATAAA TTTAATGCTG 300
 AAGCATTTGA ACAAATGAAA AATGATGCAA TTTTATTAA TATCGGTAGA GGACAAATTG 360
 TAGATGAAAC AGCATTAAATC GATGCACTAG ACAATAAGA AATTTTAGCA TGTGGTTTAG 420
 ATGTATTAGC AAATGaACCG ATTGATCaTA CACATCCATT aATGGGaCGT GaTAATGtTC 480
 TGaTTaCACC aCACATTGGG TAGGCGCATT CAGTTAACh 519

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 711:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1349 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 711:

CTATTACAGG TGGCGAACCA ATGTTTTCTA AAAAGTCTAT TAGAAATGTT GTTAAACCTC 60
 TATTAAAGTA TGCACATCAT CGAGGTATAT ATACACAAAT GAATTCAAAC CTAACATTGC 120
 CTCAGATCG TTATTTAGAT ATTGCTGAAT ATATCGATGT TATGCATATC TCACACAAC 180
 GGGGAACAAC TGATGAATTC GCAAATGTTG GCTTTGGCGC AATGAAGAAG CAACCACCGT 240
 TAAAAGCTAA GTTAAAATTA TATGAACAAA TGATTTGCGA TGCACGTACA TTATCAGAAC 300
 AAGGAATGTT TGTATCTGCG GAAACAATGC TCAATCAAAG TACGCTACCA CATTTACGAA 360
 AAATACATCA AGAAGTCGTT CATGATATGA AATGTAGCAG ACACGAGATT CACCCTATGT 420
 ATCCAGCTGA CTTTGCAAGT CAATTAAATG TGTTAACTCT AGCGGAAATG AAAAAGACAA 480

	TGTTTCCATG CTTAAAGGAT GATGAAGATC AAAAGTTACT ATCACGTTTA AGAAATGCTA	600
	AAAATGTAAC GACTAGAAAT GACCCGGATG GCCGTAGTCG TTAAATGTC AATGTATTTA	660
5	CAGGTAATGT AATCGTAACT GATTTCGGAG ATGAAACAGG TACAATTTCG AATATACAAA	720
	AAGATAAATT AACAGATGTA TTTGATAAAT GGTTATCCTC TGATCTTGCT AAATCATTAA	780
	ATTGTCATG TTCCGAGTTT AGTTGTTTAG GGCCAAATGT TCTTGTTAAA AATATGTACT	840
10	ATCCGAATAT GGAATTTTAAA GATAATGAGC GTCATATGCA CAAACAACCA CAAATTATAC	900
	AATTTTAAAA ACTCTTAATT ATGCGGAGAA GCACTTTATC GATAAGTAGT CTCCGCATAT	960
	TTTAATGCTA TTATAAAATA AAAAACAATT AATTGCTGGC AGTACTCTAC TTAAATAATA	1020
15	AAGGGCATT T AATAGGACTA ATAGTCTATA ATAAAAGGGG TAAATTTTAA CTAAAAGCAT	1080
	AAACGTGCAT AATCAAAAAG ACAGaTTGTA GGTGGAATAT TCGAaCATAA CAGTTCAATT	1140
20	CATCCTTAAC AATCTGTCTT TATATTTTIA GTCTCTAATA TGTTGCACTT GAGCTAAATA	1200
	TTCAATTGTT gTTTACTTtC AaTGCGaCgT GCTTtCtTtC GTtCaCaCaG TgwGGTGCTG	1260
	TATCATAAAA CCATTTTTCa ACATCATCTT CTGGATATAC ACCAGGTACA TGTTTAGGTT	1320
25	GCCTTCATCA TCTAACGCAA CAAATGTAA	1349

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 712:

	(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
30	(A) LENGTH: 377 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
	(D) TOPOLOGY: linear

35 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 712:

	GAAATTAAAA AAGCAATTGG ACAAGATGCA ACAGTGTGAT TGTTTGATGA ATTTGATAAA	60
40	AAATTATACA CTTACGGCGA TAACTGGGGT CGTGGTGGAG AAGTATTATA TCAAGCATT	120
	GGTTTGAAAA TGCAACCAGA ACAACAAAAG TTAAGTCCA AAAnCAGGTh GGCCTGAATG	180
	GAACCAGGAG GAAnTTGAAA ATATGCTGGG GATTACATTG TGAGTACAAG TGAAGGTAAA	240
45	CCTACACCAG GATACGAATC AACAAACATG TGGAAGAATT TGAAAGCTAC TAAAGAAGGA	300
	CATATTGTTA AAGTTGATGC TGGTACATAC TGGTACAACG TCCTTATACA TTAGATTTCa	360
	TGCGTAAAGA TTfAAAA	377

50 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 713:

	(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
55	(A) LENGTH: 528 base pairs

(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 713:

	AATGAAnCGA AAAATGACTA TAAAAAGTTT AAAGTGTTTT CACTTATTTT AACACTTGTC	60
10	ATTGTCATTT TAGCAATTAT AAGATTTGTT CATAAAATGA TGTAATTAGA GTGAGACATT	120
	GTTTTATGTC TCAGGATCCA GTTATTCATT ATATCTACAA TATTTACGAT TATATAAATA	180
	ACCCGAGATT TTAGTATGAT TCATTtCACT AAAATCTCGG GTTTCTATTT GATAATTTTT	240
15	AATGGGATAT GGCATGTATA CGTTCCTGCC TTTTATCTCA TTTCCAATGA TTAATCTGGA	300
	TATTGTTCTA AAAATGCTTT CGCTTCTTTA TTAAGTGGTT TAAAATCAAT ACCTTGTTGC	360
	ATCGCTGCAA AGACACATCC ACAATAACAC TGCCTAAAGA TATTATAGTC ATTACACATT	420
20	TCTATGGaAC GTCATAACC TTTACTTTTC yTAAATCAC TTGGcAAATA GTTCACatCG	480
	TATATTTTTT GGACATCCAT ACCAAGTTCA TTGATTAATT GTGCGTTC	528

25

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 714:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 731 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

30

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 714:

35	TTTAATGGCA TGAAGTCACA GTATATAAAG AATCTGGTGT GACAATCAGT ATGACTAAGT	60
	ATATAAAAAA AGAGCAGGTG cGAAATAATG GCGAAAGAGT CGAAATCAGC TAATGAAATT	120
	TCACCTGAGC AAATTAACCA ATGGATTAAA GAACACCAAG AAAATAAGAA TACAGATGCA	180
40	CAGGATAAGT TAGTTAAACA TTACCAAAAA CTAATTGAGT CATTGGCATA TAAATATTCT	240
	AAAGGACAAT CACATCACGA AGATTTAGTT CAAGTTGGTA TGGTTGGTTT AATAGGTGCC	300
	ATAAATAGAT TCGATATGTC CTTTGAACGG AAGTTTGAAG CCTTTTTAGT ACCTACTGTA	360
45	ATCGGTGAAA TCAAAAGATA TCTACGAGAT AAAACTTGGA GTGTACATGT TCCGAGACGT	420
	ATTAAAGAAA TTGGGCCAAG AATCAAAAAA GTGAGCGATG AACTAACCGC TGaATTaGaG	480
50	cGTTcAcYTT CTATcAGTGA AATAGCTGAT CGATTAGAAG TCTCAGAAGA AGAAGTGTTA	540
	GAAGCAATGG AAATGGGACA AAGTTATAAT GCGTTAAGTG TTGATCATT CATTGAAGCT	600
	GATAAAGATG GTTCAACTGT TACGCTATTA GATATTATGG GGCAACAAGA TGACnTTAT	660

55

CGAGAAATCA T

731

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 715:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 830 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 715:

15	TTTtAGrGgA AAGCGaATTa GtCaTATwCg CaGCAGATwG aATGATTGaA AAmGaAATTG	60
	aTTCGATTCC AATTGTAAGA AAAAAAGATA ATCAAAAGTA TGAAGTAATT GGAAGAATTT	120
	CCAAAACAAC AATAGCTAAG TTATTAGTAG CATTATATAA AGAATAGGTG AGAAGTAATG	180
20	GAAAAAATTA AAATTATCGT AGCTTCAGAT TCTATAGGTG AAACGGCAGA GTTAGTTGCT	240
	AGGGCAGGTA TTTCACAATT CAATCCTAAG CAATGTAAAA ATGAATTATT AAGATATCCA	300
	TATATTGAAT CTTTTGAAGA TGTTGATGAA GTGATTCAAG TTGCAAAAGA TACAAATGCT	360
25	ATCATTGTTT ATACACTTAT TAAACCTGAA ATGAAGCAAT ATATGAGTGA GAAAGTAGCA	420
	GAATTCaAT TGAAGTCTGT CGATATCATG GGGCCATTAA TGGATTTATT ATCTGCTTCG	480
	GTTGAAGAAA AACCTTATAA TGAGCCAGGT ATCGTTCATA GATTAGATGA TGCATATTTc	540
30	AAGAAAATTG ATGCGATAGA GTTTGCAGTT AAATATGATG ATGGTAAAGA TCCTAAAGGA	600
	TTACCTAAAG CTGATATTGT TTTACTTGGT ATTTcGAGAA CTTCAAAGAC ACCATTATCT	660
	CAGTATTTAG CGCATAAGAG TTACAAAGTT ATGAATGTAC CGATTGTACC AGAAaGTGAC	720
35	ACCGCCAGAT GGCTTATATg GATATTAATC CAAAGAAATG TATCGCACTT AAAATAAGTG	780
	AAGAnAAATT AAATCGCATT AGAnAAGAGC GACTAAAACA ATTAnGACTA	830

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 716:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1159 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 716:

50	nGAAGAACAA GTTTAnCATC TAAATGCCCG TTtAAAACTA CAACTACTTG ACGATGTtAA	60
	ATCAGTGTtT AAnTCTCAAA TGACGCAAAA TAGTGATtTT AATGAAGAAA AGAAAGTGTC	120

	AGAACGTATA AAAAAATACT TTAATAAGCA ACTCACTGAG CAAATTGCAC CAATCGTTCA	240
	ACAATTAGCA GATTTACATG TCATTATTAA TCCTCAGTTT AACTTTGAAT CAGCTAATAT	300
5	AGAGCAACCA TTATTGCACA TCGATTTCOA CGATATGCTA AATGCATTGC CTAAACAATT	360
	AACAAAACGT AAAATTTTGA ATCCAAATGG GCAAAGAGAT ATACATGAAT CAATTTGTCA	420
	AAGTACGTTA GGATTATTAC AACCACAAAT GGGATTATTG AGGCAACAGC TTGAATTATA	480
10	TGTAAAGCAA ATGGCTGTAG AAGCTGAATC GCAATTTGAA AGTTTTGAAG CTAATATTCA	540
	AACGCAAATA AACGATTTAT TAGCATTTGA TTTAGATACA ACACTTATCA ATCAATTGAA	600
	AGATAAACAT CAACAACCTGA AAATATTTTT ATATTAAGAA AGAAGGAACG TTTTAAATGC	660
15	CTAATAAAAT ATTACTTGTA GATGGTATGG CGCTATTATT TAGACATTTC TATGCTACAA	720
	GTCTTCATAA ACAATTTATG TACAATTCAC AAGGTGAACC TACAAATGGA ATACAAGGAT	780
20	TTGTGCGTCA TATCTTTTCG GCAATACATG AAATACGCCC TACACATGTA GCTGTATGTT	840
	GGGATATGGG ACAATCAACT TTTAGAAATG ATATGTTTGA TGGTTATAAG CAAAACGTT	900
	CTGCACCACC AGAAGAATTG ATACCACAAT TTGATTATGT TAAAGAAATT TCAGAGCAAT	960
25	TTGGCTTTGT AAATATTGGC GTTAAAAACT ATGAAGCGGA TGATGTTATA GGTACATTAG	1020
	CACAACAATA TTCAACTGAT AACGATGTCT ATATTATTAC GGGCGACAAA GATTTACTGC	1080
	AATGTATTAA TGACAATGTT GAAGTTGGCT AATTAAAAAA GGTTTAACAT TTATAATAGA	1140
30	TATnCATTAAC ATCGTTTTn	1159

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 717:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- | | |
|----|----------------------------|
| 35 | (A) LENGTH: 574 base pairs |
| | (B) TYPE: nucleic acid |
| | (C) STRANDEDNESS: double |
| | (D) TOPOLOGY: linear |

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 717:

	GATTTAATCA ATGCAGTTGC AGAGCAAGCT GATTTAACTA AAAAAGAAGC TGGTTCAGCA	60
45	GTAGATGCTG TATTCGAATC AATCCAAAAC TCACTTGCTA AAGGTGAAAA AGTACAATTA	120
	ATTGGTTTCG GTAACCTTGA GGTACGTGAA CGTGCTGCAC GTAAAGGTCG TAACCCTCAA	180
	ACTGGTAAAG AAATTGATAT CCCAGCAAGT AAAGTCCAG CATTCAAAGC TGGTAAAGCA	240
50	TTAAAAGATG CTGTAAATA ATTTTACTTA AAAAGCCCTG AATAAGGGCT TTTTATTTTG	300
	CTTTTAATAC TTACAACCTG TACATAAATT GTAATGTTCT TCTAAGTTT TAATCTTTGG	360

AACTACAAAA TATACATATG aATATTGaGa TTAATTGTTA GCGTTGaATT TACTTAAAAG 480
 GTAACCATGT CTACTATAGT ATTTTACGTT ATTTAAAAAG ATGAATAATG TAAATGAAGT 540
 5 AAAGGTTATT ATGAGAATTA CAAAAGCTAC ATAA 574

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 718:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 493 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 718:

AAGaTATTGA AAmTGmAaTG GaGCACGCCC TTATTTGATA GAAGTAAAAG ACATTTAATT 60
 20 CTTACCGATG CAGGTCAAAT TTTTATGAG AAAAGTAAAG AAATTGTtGC ACTGTATGAT 120
 TATTTACCAT CTGAAATGGA ACGCTTGAAT GGACTGGAAA CAGGACATAT AAACATGGGC 180
 ATGTCGGCAG TCATGAATAT GAAGATTCTT ATCAATATTC TTGGTGCATT CCATCAACAA 240
 25 TATCCAAATG TTACATATAA TTTGATAGAA AATGGCGGTA AAACAATTGA ACAGCAAATT 300
 ATCAATGATG AAGTAGATAT AGGCGTGACC ACTTTGCCAG TCGATCATCA TATTTTCGAT 360
 TATACTACCC TAGATAAGGA AGATTTGCGA CTTATCGTGA GCAGAGAGCA TCGACTCGCA 420
 30 AAATATGAAA CTGTTAAACT CGAAGATTTA GCAGGTGAAG ACTTCATTTT ATTTAATAAA 480
 GACTTTTACT TGA 493

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 719:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1257 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 719:

GCATTGCCAA AACAATACGT TTATATTATT GAGGAACTAC TGTATAAAAG TAATGAATAT 60
 45 CAAAATAAAA AATCATATTA CGAAACACTT GTTAACCAAG TAATTGAACT TAAACAGGCA 120
 GATGATTTAA TTATTGGACT CGCTTATTCC GTACAACGCT TAGTCGTCGA TCATTTACAC 180
 50 GTTGTGGTG ATATTTATGA TCGTGGACCA CAACCAGATA AAATTATGGA TAACTGATT 240
 AATTATCATT CCCTAGATAT TCAATGGGGT AATCATGATG TGCTTTGGGT TGGAGCCTAT 300

GATATTATCG AAGACGCTTA TGGCATTAA TTAAGACCAC TGCTTACTTT AGCTGAAAAA 420
TACTATGACG CAGATAATCC TGCTTTTAAAG CCTAAAAAAA GACCTGACAA ACACGAACGT 480
5 TTAAC TCAAC GTGAAGAAAG TCAAATTACT AAAATTCATC AAGCTATTGC GATGATTCAA 540
TTCAAGTTAG AAATACCAAT TATTAAACGT CGTCCAAATT TCGAAATGGA AGAACGTCTT 600
GTGCTTGAAA AGGTTAATTA TGATACAAAT GAAATTACAG TTTATGGTAA TACATACCCA 660
10 TTGAAAGACA CATGTTTCCA AACTGTCAAT CGTGATAATC CAGCAGAATT ACTACCTGAA 720
GAAGAAGAAG TCATGAATAA ACTATTATTG TCATTCCAAC AATCTGAAAA ATTACGTCGT 780
CATATGTCTT TCTTGATGCG TAAAGGCTCT CTTTACTTAC CATATAATGG CAATTTACTC 840
15 ATTCATGGTT GTATTCCAGT TGATGAAAAT GGTGAGATGG AATCATTTGA AATTGATGGT 900
CATACTTACA GCGGCCAAGA ATTATTAGAT GTGTTTGAGT ATCATGTCCG TAAATCATTT 960
20 GATGAAAAAG AAAATACTGA TGACTTATCG ACGGATTTAG TTTGGTATTT ATGGACTGGG 1020
AAATATTCGT CACTATTTGG TAAACGTGCC ATGACTACGT TTGAGCGATA CTTTATTGCA 1080
GATAAAGCTT CTCATAAAGA AGAAAAGAAT CCGTACTATC aTCTTCGTGA AGATGTGaAT 1140
25 ATGGkTCGTA AAATGCTCaG TGaTTTCGGA TTAAATCCAG ATGAAGGACG CATTATTAAT 1200
GGTCACACAC CAGTGAAAGA AATCAATGGC GAGATCCTAT CAAGGCTGAT GGAAAGA 1257

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 720:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 400 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
35 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 720:

40 TGAGCACATG ACAGTGGCTG AAAACATTAA ATTTTTTAAA TCACTTTGTA AAAATCCAAT 60
TAACGATACA ACTATCAACG AATATTTACA GCAATTAAAC TTTGATGATA CGTCTGCCAA 120
AGTATCTACA TTGTCCGGTG GGAATAAACG TAAATTAAT ATATTAGTAG GTTTACTAGG 180
45 TCAACCTCGA ATTCTCATTT TAGATGAACC GACAGTTGGT ATTGATTTAA AATCTAGACA 240
TGACATCCAC CAACTACTTA ACATCATGAA ATCTAAATGT TTAATTATAT TAACTACCCA 300
TCATTTAGAT GAAGTTGAGG CACTTGCAGA TGGTTATCAA GTTAATTGGG CCAGGTnCCC 360
50 TTTTnTTCAA CAGTTTTTGG GGGCCAACCA TGGGCTTATA 400

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 721:

(A) LENGTH: 570 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 721:

```

10 CTTATTTATA TTATAATATA AATATTTTAT TTTTCAATAC TTAATTTTAA AAATCCCCTA      60
    TGAAAATGTT GATGAGCTAC ATCTTTAAAT CTTATTATAC ATTGTATAAA ATTATATTGC      120
    GAGGTAGTAA ATTGATATTA TACACTTTTG GTTGTGTATG CATCTCACCT ATCTTTTTTTG      180
15 CTTTTTTTCAA ATAAGAAAGT ATTAAAAATy AATGCCTATA CAGGAACAGA CATGGCTAAA      240
    CTTGATTTAA ATAGTCTTGA CGACGAGCAC GTAAAATTAT TAATAAATGA ATTAAAAATAT      300
    CCAGAACTC ATATCGATGT AAATGAATTA AAAACAATAG TTGCTAGTCG AATAAATGAA      360
20 AGGCAAGAAA TAATAAGTTT TAAGTTAGGA ATAAAGTACT TATTAACAAT AAAAAGAGGG      420
    AACATAGAAA AAGATAGGTT TTCAATTTCA ATCATTTTCA AAGATACCTA TCACACCCTA      480
    GTTAGAATAG ATATTAACGG TGGTACTCAC GATAATCCAG ATGGAACAAT CGCTCCGAAA      540
25 AGTCATATTC ACATATATAA TGATAAGTAT      570
  
```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 722:

```

30 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
    (A) LENGTH: 400 base pairs
    (B) TYPE: nucleic acid
    (C) STRANDEDNESS: double
    (D) TOPOLOGY: linear
  
```

35

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 722:

```

    ATTTTAGTCT TAGGTGTTGA TTGCATGATG AATGCAGAAG TTATACCTGC AGCCATATTA      60
40 GCACCTTCAT TATTGTGTAT AATTGAATA TTATTGCTT TTAAAGTATG TCCAATTAAG      120
    TTTGAAGTCG TTGTTTACC ATTGTGTCCA CTGATAAATA CAATATCATC AACTTGCTCT      180
45 GCTAATTTTC TTAATATATC TGTATCCACT TTTCTAGCGA TTTGTCCAGG TAAATCTGTT      240
    CCTCTTTTAC CTACTGCTCT ACTTGCTTTA CGCGCCAATT TCGCTAGATG GATTGCCGTC      300
    CACTGTCTCA TGTGTTTCCT CCTCAAATt CCACTCGCAT CATTATAACA TGACAAGGCA      360
50 ACTTCAAAAA AGTTTCTCAA TCACAAATnG ATACCAAGTGT      400
  
```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 723:

```

55 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
    (A) LENGTH: 1113 base pairs
  
```


(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 723:

	GATTATATGC TGTGGCAAA ACAATATACC CAGATGAATT TTTATTTTGA GTAATAGTAT	60
10	AACCATGCTT TGTCTTACTA ACTTTGACAG CTTCTAATGA ATTTGAAGCG TCTTTAAGCG	120
	TGGTATAATC TTCGCCGTAT ATCCCTTTTA AATTTACTCG ATACTTACCT TTAGGCAATG	180
	ATAATCTAAT TCTATCTGGA GCTTTAATGC GTATCGTTAC GGGTGTTCACA ACGCGTCGAT	240
15	ATTTATAAGT GAGTTTATTT CTTTCTGTG TATATTCATT CACTTTAACA TCATGAGCTT	300
	TATCCGGCGA AAGTAATTCT AAATCCATTT CAAAATACAA ATCTTTAAAT TGATTAGAAA	360
	CTGATTTTGG CAACTGTACA GTTAGACCAC CATTATTTTG TTAACTTGT AATAAATGTT	420
20	TTGTAGGAGA TTGCCAGGCT GCACTATTTA ATTTAATTGT TGAATCTGAT AGTAAATTTT	480
	TATTGGCTTT AAAATGTGTA TTAACATCTT TAATATTGTT AGAAACAATC CCTTGCAACA	540
	TTGCTTGTTT TTTATCTAAT GGAGATTTTA ATTCTTTATT GGAAAAGACC TTATTTGTAA	600
25	TATGTGCACT TGGATAATGG ATGGTATTTT TAGAATGAAT CCAACGAACT TTATTGTCTT	660
	TGTGTTTCTA CTTAATTTTA AATCCATATG GtAAGTTGTC ATCATGATtC ACTCTAATTC	720
30	GATCATTAAAC ATTCCAAAGT GATAGTtAAT TTgACGATgC CAAGTAATCT ATAAGTGCTG	780
	TTTTTATCGA TTGGCATATT AATTGGAGT GTCTTGTCAT AATATTTTAA AATGTCTCCA	840
	TTAAAAATAC TAGAATATAA TGAAATGCCA TTATAATGAT ATATAAATGG TGAATTTAAT	900
35	GCATAGTCTG ACATATAATC AATSCGATTA AATGAGCCTG TTGCATTTTG ATTTATCTTT	960
	TTTATAAGCT GGTTFACATA GTTACTATGG TAATCATGTT GTTTCAACGT TGATAATGAT	1020
	TGTTGATAAG GTTTGATTGC CATGTTTTTG TTGTTATCTA AAATGACGAT TTGTTGAATC	1080
40	ATaACGATTA ATACTAATAT TGCAACGGTT AAT	1113

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 724:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 464 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

50

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 724:

55	TGCCGTTTAG CAAAATCTAG TATCGCTTGA TGATCAGATT CTGAAATTC AGTGTGTACT	60
----	--	----

GATTGATTAA GTTTATATGC AAGTGCATGT TCTCGTCCAC CAGCACCAAT TACTAATACA 180
 TTCATTTATG TTACGCCCCT TTAAAATTAG TGTTTAAAAT GTCGAGTGCC TGTGACTACC 240
 5 ATTGCAATAC CATGTTTATT AGCCATATCA ATTGAATCTT GATCTTTAAT CGAACCACCC 300
 GGTGATAA TTGCCTTTAT ACCATGTTGT GCTGCAAGTT CAACTGTATC TCCCATAGGG 360
 AAAAATCCAT CAGATACTAA CGGCTACATG ATCATTGATT TCAATAGCTC TCTCTAACGC 420
 10 AATTTTAGCA GCACCGACAC GATTCATTGG CCAGCACTA TACC 464

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 725:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1440 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 725:

GTAAATnCA nTATTTnAAA TaTATTACCT TATTAGAAAA AGTCGTAATA TGAGGTGTAC 60
 25 AAATGACGCA AATTTTAATA GTAGAAGATG AACAAAACCT AGCAAGATT TTTGAATTGG 120
 AACTCACACA TGAAAATTAC AATGTGGACA CAGAGTATGA TGGACAAGAC GGTTTAGATA 180
 AAGCGCTTAG CCATTACTAT GATTTAATCA TATTAGATTT AATGTTGCCG TCAATTAATG 240
 30 GCTTAGAAAT TTGTCGCAA ATTAGACAAC AACAACTCTAC ACCTATCATT ATAATTACAG 300
 CGAAAAGTGA TACGTATGAC AAAGTTGCTG GGCTTGATTA CGGTGCAGAC GATTATATAG 360
 TTAAGCCGTT TGATATTGAA GAACTTTTAG CAAGAATTCG TGCAATTTTA CGTCGTCAGC 420
 35 CACAAAAGGA TATTATCGAT GTCAACGGTA TTACAATTGA TAAGAACGCT TTTAAAGTGA 480
 CGGTAAATGG CGCAGAAATT GAATTAAACA AACAGAGTA TGATTTACTA TATCTTCTAG 540
 40 CTGAAAATAA AAACCATGTT ATGCAACGGG AACAAATTTT AAATCATGTA TGGGGTTATA 600
 ATAGTGAAGT AGAAACAAAT GTCGTAGATG TTTATATAAG TATTTTACGA AACAGTTAA 660
 AACCATACGA TCGTGACAAA ATGATTGAAA CAGTTCGTGG CGTTGGGTAT GTGATACGAT 720
 45 GACAAAACGT AAATTGCGCA ATAAGTGGAT TATTGTTACC ACGATGATTA CGTTTGTAC 780
 GATATTTTGG TTTTGTTTAA TTATTATTTT TTTCTTGAAA GATACACTGC ATAATAGTGA 840
 GCTTGATGAT GCaGACGAA GCTCaAGCGA TATTAATAA TATTTCaTT CTAAGCCTGT 900
 50 TAAAGATATA TCTGCaTTAG ACTTGAATGC aTCTTTAgGT AaTTTCaAG AGATAATTAT 960
 TTATGATGAG CATAATAATA AATTATTTGA GACATCGAAT GATAACACAG TGAGAGTTGA 1020

ATATTTAATT ATTAAAGAAC CAATTACAAC GCAAGATTTC AAAGGGTATA GCTTGTTAAT 1140
 TCATTCACCTA GAAAATTATG ATAACATCGT AAAATCATTG TATATCATTG CGCTGGCATT 1200
 5 TGGAGTGATT GCAACAATTA TAACTGCCAC AATCAGTTAT GTATTTTCAA CACAAATTAC 1260
 TAAACCGCTT GTCAGTTTAT CAAATAAAAT GATTGAGATT CGACGAGATG GTTTTCAAAA 1320
 TAAATTGCAA TTAAATACAA ATTATGAAGA AATAGATAAT TTAGCAAATA CGTTTAATGA 1380
 10 GATGATGAGC CAAATTGAAG AATCATTTAA TCAACAAAGA CAATTTGTTG AAGATGCGTC 1440

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 726:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 375 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 726:

TGATATTCGG ACTTGCGAGG ATTATTGCGC ATTAAGGATT AACGCAGTAT GAGTCCAAAG 60
 25 ACGCGCGACA CCTGGAAAAA GGATTACCTA ATGCCTTATT TACAGTAACC TTGTATGATA 120
 AAGATCGGTT AATTGGTATG GGTAGAGTGA TTGGCGATGG CGGAACTGTT TTTCAAATTG 180
 TTGATATTGC AGTTTTGAAA AGTTACCAAG GTCAAGGTTA CGGCATCTAA TTATGGAGCA 240
 30 TATTATGCAA TATATTAAAG GTGTGGCTGT TGAGAGTACA TACGTTATCT GATTGGCAGA 300
 CTACCCAGCG GGnTAAATTA TATACCAAAT TTGGGTTnA TACCTACCGA ACCAGAnTCC 360
 AGGCGGTGAT GTATG 375

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 727:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 471 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 727:

TAAAAAACTT AGAGATGAAA ATCATATTAT TTATCTGTTT TTGGGACAAT TTTTACTAA 60
 AAATGAAGAT CCATGGCATC AAATACTTAA TGATTTAGAA GTTACAAATT CTGTTGATAA 120
 50 TTTTTTAAGG TCAATAAGTA ATAAGGCCAA AGAAACAAAA AAAAGAGCTT TTATTATTAT 180
 TGATGCCGCTT AATGAAGGTG AAGGTAAAAG GTTATGGGGA AATTATTTTC AAAGCTTTAT 240

AGATGTTATA TTACCCAAAA ACGCAATACA AGATAACAAT ATTGTAGTAT TTCAGCATGA 360
 AGGTTTTAGT AAGGAAGAAA ACTATAATCC AATTGTATCT TTTGTGATT TTTATGGATT 420
 5 AGAGCTACCT AAGTTACCTA TATTAAATCC AGAATTCAAC AATCCATTAT T 471

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 728:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1750 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 728:

TAGGATGTTT CACCCTgGCA ATTGctCTAA GACATctAcA GCAGTAGAAT ayCCTGTTTT 60
 20 CGTctTTTTA ATAACAGGTA ATTGTAATGT CTCAAACAAT ACAACACCTA ATTGCTTAGG 120
 AGAATTTATA TTAAATCTT CACCAGCTGC ATCATGGATA TTTGGAATCA AGACGTCTAA 180
 TTTTCTTGA ATTTCTTTTT CCATTTCTTC TAAATCATGA ACATCTGTAA ATATACCAAT 240
 25 TTCTTCCATT TCACTTAAAA TCTTAGCTAG CGGTAGCTCT AAATCAGCCA AGAGTTCTAC 300
 CTGATTGTAT TCTTCTAATT GTTTATCCAT ATTTGGTTTC GCAAAGTAAA TTGCATCAGT 360
 AATAGAAGCA ACATATGGAT TTAAACATC ATCTTCAGGT ACCTTAAATT TCTTACCTTT 420
 30 TCCATATATA CTCACATCGT CTTTCACAAA ACTTTGACCG TACAATGAAA CAACTGATTG 480
 AACATCACTA ATCGTACGAG ATGGATCAAT TATATACTG GCCAACATAA TATCGAAAGA 540
 AATATTTTGA ATATCAATCC CCAATCTATG TGATGCTACA TATGTTTTTT TAGCATCATA 600
 35 TACGACTTTT TTCGAATTCG GATTTTCTAA CCATGAAACT AGTTCGACAT AATTATTAT 660
 GTCATCCGCA TTAATTACAA TATGTTTCTC ACCTGtAAAT aAAGAGAATT TTAAAtATT 720
 40 ATTTcGCAAA TAGtTACCAC CGtCTAATTC GAAATGGATG GCCGCTTCTT TcAATGAAGT 780
 AAAATCCaAT ATTATCAAAA GACGTTTCCa ATTTCAAATG TCTTtTCTAT TGCATCTTCA 840
 ACGcttGCTG ATTGaTCAAT GTCAGCCAAC AATTGTTTGA ATTCTAACTT CTAAACAAT 900
 45 TCGATTTTTT CTGTGTGTTT ATCTtGakGA GTCATTAACG TATCTTcaAG TTTTACTTca 960
 ATCGGACTAT CTACATTAAt CGTTGCTAAT TCTTTACTCA TTAATGCATC TTCTTTGCTA 1020
 TTTTGAAGTT TTTCTTTTAA CTTTTTACCT GAAATTTTCAT CTAAATGTTT ATAGACACCT 1080
 50 TCTACTGTGT CAAATTGGTT TAGCAATTTT ATTGCTGTTT TCTCTCCAAC ACCTGCAACA 1140
 CCTGGTATAT TATCAGAAGT ATCTCCCAT TATCCTTTCA TATCAATAAT TTGATTAGGT 1200